PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6:

C12N 15/54, 9/12, 15/11, 15/85, C12O 1/68, A01K 67/027

(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/33998

A2 (43) Internationales

Veröffentlichungsdatum:

8. Juli 1999 (08.07.99)

(21) Internationales Aktenzeichen:

PCT/EP98/08216

(22) Internationales Anmeldedatum:

22. Dezember 1998 (22.12.98)

(30) Prioritätsdaten:

197 57 984.1

24. Dezember 1997 (24.12.97) DE

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): BAYER AKTIENGESELLSCHAFT [DE/DE]; D-51368 Leverkusen (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): HAGEN, Gustav [DE/DE]; Bertha-von-Suttner-Strasse 31, D-51373 Leverkusen (DE). WICK, Maresa [DE/DE]; Andreas-Gryphius-Strasse 26, D-51065 Köln (DE). ZUBOV, Dmitry [RU/DE]; Roggendorfstrasse 59, D-51061 Köln (DE).

(74) Gemeinsamer Vertreter: BAYER AKTIENGE-SELLSCHAFT; D-51368 Leverkusen (DE).

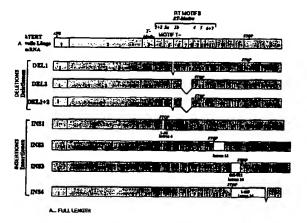
(81) Bestimmungsstaaten: AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CU, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, GB. GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MD, MG, MK, MN, MW, MX, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZW, ARIPO Patent (GH, GM, KE, LS, MW, SD, SZ, UG, ZW), eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), OAPI Patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Veröffentlicht

Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.

(54) Title: REGULATORY DNA SEQUENCES OF THE HUMAN CATALYTIC TELOMERASE SUB-UNIT GENE, DIAGNOSTIC AND THERAPEUTIC USE THEREOF

(54) Bezeichnung: REGULATORISCHE DNA-SEQUENZEN DES GENS DER HUMANEN KATALYTISCHEN TELOM-ERASE-UNTEREINHEIT UND DEREN DIAGNOSTISCHE UND THERAPEUTISCHE VERWENDUNG



(57) Abstract

The present invention relates to regulatory DNA sequences containing promotor sequences, in addition to intervening sequences, for the human catalytic telomerase sub-unit gene. The invention also relates to the use of said DNA sequences for pharmaceutical, diagnostic and therapeutic purposes, especially in the treatment of cancer and ageing.

(57) Zusammenfassung

Diese Erfindung betrifft regulatorische DNA-Sequenzen, beinhaltend Promotorsequenzen, sowie Intronsequenzen, für das Gen der humanen kalytischen Telomerase-Untereinheit. Darüber hinaus betrifft diese Erfindung die Verwendung dieser DNA-Sequenzen für pharmazeutische, diagnostische und therapeutische Zwecke, vor allem in der Behandlung von Krebs und Alterung.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
ΑÜ	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
ΑZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland		Republik Mazedonien	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungara	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IR	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko	•••	Amerika
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik	NZ	Neusceland	ZW	Zimbabwe
CM	Kamerun		Korea	PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	ΚZ	Kasachstan	RO	Rumanien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	u	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

WO 99/33998 PCT/EP98/08216

Regulatorische DNA-Sequenzen des Gens der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit und deren diagnostische und therapeutische Verwendung

5 Aufbau und Funktion der Chromosomenenden

4

Das genetische Material eukaryontischer Zellen ist auf linearen Chromosomen verteilt. Die Enden der Erbanlagen werden, abgeleitet von den griechischen Wörtern telos (Ende) und meros (Teil, Segment), als Telomere bezeichnet. Die meisten Telomere bestehen aus Wiederholungen von kurzen Sequenzen, die überwiegend aus Thymin und Guanin aufgebaut sind (Zakian, 1995). In allen bislang untersuchten Wirbeltieren werden die Telomere aus der Sequenz TTAGGG aufgebaut (Meyne et al., 1989).

Die Telomere üben verschiedene wichtige Funktionen aus. Sie verhindern die Fusion von Chromosomen (McClintock, 1941) und damit die Entstehung von dizentrischen Erbanlagen. Solche Chromosomen mit zwei Centromeren können durch Verlust der Heterozygotie bzw. Verdopplung oder Verlust von Genen zur Entwicklung von Krebs führen.

20

10

Desweiteren dienen Telomere dazu, intakte Erbanlagen von beschädigten zu unterscheiden. So stellten Hefezellen ihre Zellteilung ein, wenn sie ein Chromosom ohne Telomer enthielten (Sandell und Zakian, 1993).

Eine weitere wichtige Aufgabe erfüllen Telomere bei der DNA-Replikation eukaryontischer Zellen. Im Gegensatz zu den zirkulären Genomen von Prokaryonten können die linearen Chromosomen der Eukaryonten von dem DNA Polymerase-Komplex nicht vollständig repliziert werden. Zur Initiation der DNA-Replikation sind RNA-Primer notwendig. Nach Abspaltung der RNA-Primer, Verlängerung der Okazaki-Fragmente und anschließender Ligation fehlt dem neu-synthetisierten DNA-Strang das 5'-Ende, denn dort kann der RNA-Primer nicht durch DNA ersetzt

werden. Ohne besondere Schutzmechanismen würden daher die Chromosomen mit jeder Zellteilung schrumpfen ("end-replication problem"; Harley et al., 1990). Die nicht-kodierenden Telomersequenzen stellen vermutlich eine Pufferzone dar, um dem Verlust von Genen vorzubeugen (Sandell und Zakian, 1993).

5

10

Darüberhinaus spielen Telomere auch eine wichtige Rolle bei der Regulation der zellulären Alterung (Olovnikov, 1973). Humane somatische Zellen zeigen in Kultur eine limitierte Replikationskapazität; sie werden nach einer gewissen Zeit seneszent. In diesem Zustand teilen sich die Zellen selbst nach Stimulierung mit Wachstumsfaktoren nicht mehr, sterben aber nicht, sondern bleiben metabolisch aktiv (Goldstein, 1990). Verschiedene Beobachtungen sprechen für die Hypothese, daß eine Zelle anhand der Länge ihrer Telomere bestimmt, wie oft sie sich noch teilen kann (Allsopp et al., 1992).

Zusammenfassend besitzen die Telomere somit zentrale Funktionen bei der Alterung von Zellen sowie der Stabilisierung des genetischen Materials und Verhinderung von Krebs.

Das Enzym Telomerase synthetisiert die Telomere

20

25

Wie oben beschrieben können Organismen mit linearen Chromosomen ohne einen speziellen Schutzmechanismus ihr Genom nur unvollständig replizieren. Die meisten Eukaryonten verwenden zur Regeneration der Telomersequenzen ein spezielles Enzym, die Telomerase. In den bislang untersuchten Einzellem wird Telomerase konstitutiv exprimiert. Dagegen wurde in Menschen die Telomerase-Aktivität nur in Keimzellen und Tumorzellen gemessen, wogegen benachbartes somatisches Gewebe keine Telomerase enthielt (Kim et al., 1994).

30

Funktionell kann die Telomerase auch als terminale Telomertransferase bezeichnet werden, die als Multiproteinkomplex im Zellkern lokalisiert ist. Während der RNA-Anteil der humanen Telomerase schon seit längerem bekannt ist (Feng et al., 1995),

15

20

25

30

wurde kürzlich die katalytische Untereinheit dieser Enzymgruppe in verschiedenen Organismen identifiziert (Lingner et al., 1997; vgl. unsere ebenfalls anhängige Anmeldung PCT EP/98/03468). Diese katalytischen Untereinheiten der Telomerase sind sowohl untereinander als auch zu bisher allen bekannten reversen Transkriptasen auffällig homolog.

Auch in WO 98/14592 werden Nukleinsäure- und Aminosäuresequenzen der katalytischen Telomerase-Untereinheit beschrieben.

10 Aktivierung der Telomerase in menschlichen Tumoren

Eine Aktivität der Telomerase konnte in Menschen ursprünglich nur in Keimbahnzellen, nicht aber in normalen somatischen Zellen (Hastie et al., 1990; Kim et al., 1994) nachgewiesen werden. Nach der Entwicklung eines sensitiveren Nachweisverfahrens (Kim et al., 1994) wurde auch in hematopoietischen Zellen eine geringe Telomeraseaktivität detektiert (Broccoli et al., 1995; Counter et al., 1995; Hiyama et al., 1995). Allerdings wiesen diese Zellen trotzdem eine Reduktion der Telomere auf (Vaziri et al., 1994; Counter et al., 1995). Noch ist nicht geklärt, ob die Menge an Enzym in diesen Zellen nicht ausreichend für eine Kompensation des Telomerverlustes ist, oder ob die gemessene Telomerase-Aktivität von einer Subpopulation, z.B. unvollständig ausdifferenzierten CD34+38+-Vorläuferzellen, herrührt (Hiyama et al., 1995). Zur Klärung wäre ein Nachweis der Telomerase-Aktivität in einer einzelnen Zelle nötig.

Interessanterweise wurde jedoch in einer großen Zahl der bislang getesteten Tumorgewebe eine signifikante Telomerase-Aktivität nachgewiesen (1734/2031, 85 %; Shay, 1997), während in normalem somatischen Gewebe keine Aktivität gefunden wurde (1/196, <1 %, Shay, 1997). Verschiedene Untersuchungen zeigten außerdem, daß in seneszenten Zellen, die mit viralen Oncoproteinen transformiert wurden, die Telomere weiterhin schrumpsten und Telomerase nur in der Subpopulation entdeckt werden konnte, die die Wachstumskrise überlebte (Counter et al., 1992). In diesen immortalisierten Zellen waren auch die Telomere stabil (Counter et al., 1992). Ähnli-

WO 99/33998 PCT/EP98/08216

che Befunde aus Untersuchungen an Mäusen (Blasco et al., 1996) stützen die Annahme, daß eine Reaktivierung der Telomerase ein spätes Ereignis in der Tumorgenese ist.

Basierend auf diesen Ergebnissen wurde eine "Telomerase-Hypothese" entwickelt, die den Verlust von Telomersequenzen und Zellalterung mit der Aktivität von Telomerase und der Entstehung von Krebs verbindet. In langlebigen Spezies wie dem Menschen kann das Schrumpfen der Telomere als ein Mechanismus zur Tumorsuppression angesehen werden. Ausdifferenzierte Zellen, die keine Telomerase enthalten, stellen bei einer bestimmten Länge der Telomere ihre Zellteilung ein. Mutiert eine solche Zelle, so kann aus ihr nur dann ein Tumor entstehen, wenn die Zelle ihre Telomere verlängern kann. Ansonsten würde die Zelle weiterhin Telomersequenzen verlieren, bis ihre Chromosomen instabil werden und sie schließlich zugrunde geht. Die Reaktivierung der Telomerase ist vermutlich der Hauptmechanismus von Tumorzellen zur Stabilisation ihrer Telomere.

Aus diesen Beobachtungen und Überlegungen ergibt sich, daß eine Inhibition der Telomerase eine Therapie von Tumoren erlauben sollte. Konventionelle Krebstherapien mit Zytostatika oder kurzwelligen Strahlen schädigen nicht nur die Tumorzellen, sondern alle sich teilenden Zellen des Körpers. Da aber außer Tumorzellen nur Keimbahnzellen eine signifikante Telomerase-Aktivität enthalten, würden Telomerase-Inhibitoren spezifischer die Tumorzellen angreifen und somit weniger unerwünschte Nebenwirkungen hervorrufen. In allen bislang getesteten Tumorgeweben wurde eine Telomerase-Aktivität nachgewiesen, so daß diese Therapeutika gegen alle Krebsarten eingesetzt werden könnten. Die Wirkung von Telomerase-Inhibitoren würde dann eintreten, wenn die Telomere der Zellen sich soweit verkürzt haben, daß das Genom instabil wird. Da Tumorzellen meist kürzere Telomere aufweisen als normale somatische Zellen, würden zuerst Krebszellen durch Telomerase-Inhibitoren eliminiert werden. Zellen mit langen Telomeren, wie die Keimzellen, würden dagegen erst viel später geschädigt werden. Telomerase-Inhibitoren stellen somit einen zukunftsweisenden Weg für die Therapierung von Krebs dar.

WO 99/33998

Eindeutige Antworten auf die Frage nach der Art und den Angriffspunkten physiologischer Telomerase-Inhibitoren werden möglich sein, wenn auch die Regulation der Genexpression der Telomerase identifiziert ist.

5

10

Regulation der Genexpression in Eukaryonten

Die eukaryotische Genexpression, d.h. der zelluläre Informationsfluß von der DNA über die RNA zum Protein, weist vielfältige Ansatzpunkte für regulatorische Mechanismen auf. Einzelne Kontrollstufen sind z.B. die Gen-Amplifikation, Rekombination von Genloci, Chromatinstruktur, DNA-Methylierung, Transkription, posttranskriptionelle mRNA-Modifikationen, mRNA-Transport, Translation und post-translationale Proteinmodifikationen. Nach bisherigen Studien besitzt die Kontrolle auf der Ebene der Transkriptionsinitiation die größte Bedeutung (Latchman, 1991).

15

20

25

Unmittelbar stromaufwärts vom Transkriptionsstart eines von der RNA-Polymerase II transkribierten Gens liegt eine Region, die für die Steuerung der Transkription verantwortlich ist und als Promotorregion bezeichnet wird. Ein Vergleich der Nukleotidsequenzen von Promotorregionen vieler bekannter Gene zeigt, daß bestimmte Sequenzmotive in dieser Region häufig vorkommen. Zu diesen Elementen gehören unter anderem die TATA-Box, die CCAAT-Box und die GC-Box, die von spezifischen Proteinen erkannt werden. Die TATA-Box, die etwa 30 Nukleotide stromaufwärts vom Transkriptionsstart entfernt positioniert ist, wird z.B. von der TFIID-Untereinheit TBP ("TATA-box binding protein") erkannt, wogegen bestimmte GC-reiche Sequenzabschnitte vom Transkriptionsfaktor Sp1 ("specificity protein1") spezifisch gebunden werden.

30

Funktionell kann man den Promotor in einen regulativen und einen konstitutiven Abschnitt unterteilen (Latchman, 1991). Der konstitutive Kontrollbereich umfaßt den sogenannten Kernpromotor ("corepromoter"), der die korrekte Initiation der Transkription ermöglicht. Er enthält die als UPE's (upstream promoter elements") be-

schriebenen Sequenzelemente, die für eine effiziente Transkription notwendig sind. Die regulativen Kontrollabschnitte, die mit den UPE's verflochten sein können, weisen Sequenzelemente auf, die an der signalabhängigen Regulation der Transkription durch Hormone, Wachstumsfaktoren usw. beteiligt sein können. Sie vermitteln gewebs- oder zellspezifische Promotoreigenschaften.

Ein charakteristisches Merkmal eukaryotischer Gene sind DNA-Abschnitte, die über vergleichsweise große Distanzen hinweg Einfluß auf die Genexpression nehmen können. Diese Elemente können stromaufwärts, stromabwärts oder innerhalb einer Transkriptionseinheit lokalisiert sein und unabhängig von ihrer Orientierung ihre Funktion wahrnehmen. Diese Sequenzabschnitte können die Promotoraktivität verstärken (Enhancer) oder abschwächen (Silencer). Ähnlich wie die Promotorregionen beherbergen auch Enhancer und Silencer mehrere Bindungsstellen für Transkriptionsfaktoren.

15

25

30

10

5

Die Erfindung betrifft die DNA-Sequenzen aus der 5'-flankierenden Region des Gens der katalytisch aktiven humanen Telomerase-Untereinheit sowie Intron-Sequenzen für dieses Gen.

Die Erfindung betrifft insbesondere die 5'-flankierende regulatorische DNA-Sequenz, enthaltend die Promotor-DNA-Sequenz für das Gen der humanen katalytischen Telomerase Untereinheit gemäß Fig. 10 (SEQ ID NO 3).

Die Erfindung betrifft weiterhin regulatorisch wirksame Teilbereiche der 5'-flankierenden regulatorischen DNA-Sequenz gemäß Fig. 4 (SEQ ID NO 1).

Weiterhin sind Gegenstand der vorliegenden Erfindung Intron-Sequenzen für das Gen der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit, insbesondere solche, die regulatorische Wirkung haben. Die erfindungsgemäßen Intronsequenzen werden im Rahmen von Beispiel 5 detailliert beschrieben (vgl. SEQ ID NO 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19 und 20).

10

20

Die Erfindung betrifft weiterhin ein rekombinantes Konstrukt, das die erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen, insbesondere die 5'-flankierende DNA-Sequenz des Gens der humanen katalytischen Telomerase Untereinheit oder Teilbereiche davon beinhaltet.

Bevorzugt sind rekombinante Konstrukte, die neben den erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen, insbesondere der 5'-flankierenden DNA-Sequenz des Gens der humanen katalytischen Telomerase Untereinheit oder Teilbereichen davon, eine oder mehrere weitere DNA-Sequenzen, die für Polypeptide oder Proteine kodieren, enthalten.

Gemäß einer besonders bevorzugten Ausführungsform kodieren diese weiteren DNA-Sequenzen für antitumorale Proteine.

Besonders bevorzugte antitumorale Proteine sind solche, die die Angiogenese direkt oder indirekt inhibieren. Zu diesen Proteinen zählen beispielsweise:

Plasminogenaktivatorinhibitor (PAI-1), PAI-2, PAI-3, Angiostatin, Endostatin, Platelet factor 4, TIMP-1, TIMP-2, TIMP-3, Leukemia Inhibitory Factor (LIF).

Ebenfalls besonders bevorzugt sind antitumorale Proteine, welche direkt oder indirekt eine zytostatische Wirkung auf Tumoren aufweisen. Hierzu zählen im besonderen:

Perforin, Granzym, IL-2, IL-4, IL-12, Interferone, wie beispielsweise IFN-α, IFN-β, IFN-γ, TNF, TNF-α, TNF-β, Oncostatin M; Tumorsuppressorgene, wie z.B. p53, Retinoblastoma.

Weiterhin besonders bevorzugt sind antitumorale Proteine, welche gegebenenfalls zusätzlich zur antitumoralen Wirkung Entzündungen stimulieren und hierdurch zur Elimination von Tumorzellen beitragen. Hierzu zählen beispielsweise:

10

15

25

30

4

RANTES, Monocyte chemotactic and activating factor (MCAF), IL-8, Macrophage inflammatory protein (MIP-1α,-β), Neutrophil activating protein-2 (NAP-2), IL-3, IL-5, human leukemia inhibitory factor (LIF), IL-7, IL-11, IL-13, GM-CSF, G-CSF, M-CSF.

Weiterhin besonders bevorzugt sind antitumorale Proteine, welche aufgrund ihrer Wirkung als Enzyme in der Lage sind, Vorstufen eines antitumoralen Wirkstoffes in einen antitumoralen Wirkstoff zu überführen. Zu diesen Enzymen zählen beispielsweise:

Herpes Simplex Virus Thymidinkinase, Varizella Zoster Virus Thymidinkinase, bakterielle Nitroreductase, bakterielle \(\mathbb{B}\)- Glukuronidase, pflanzliche \(\mathbb{B}\)-Glukuronidase aus Secale careale, humane Glukuronidase, humane Carboxypeptidase, bakterielle Carboxypeptidase, bakterielle \(\mathbb{B}\)-Lactamase, bakterielle Cytosindeaminidase, humane Katalase bzw. Phosphatase, humane alkalische Phosphatase, Typ 5 saure Phosphatase, humane Lysooxidase, humane saure D-Aminooxidase, humane Glutathion Peroxidase, humane Eosinophilen Peroxidase, humane Schilddrüsen Peroxidase.

Die obengenannten rekombinanten Konstrukte können auch DNA-Sequenzen enthalten, die für Faktor VIII, IX oder Teilfragmente davon kodieren. Zu diesen DNA-Sequenzen zählen auch andere Blutgerinnungsfaktoren

Die obengenannten rekombinanten Konstrukte können auch DNA-Sequenzen enthalten, die für ein Reporterprotein kodieren. Zu diesen Reporterproteinen zählen beispielsweise:

Chloramphenicolacetyltransferase (CAT), Glühwürmchen Luziferase (LUC), ß-Galaktosidase (ß-Gal), Sezernierte alkalische Phosphatase (SEAP), Humanes Wachstumshormon (hGH), ß-Glukuronidase (GUS), Grün-fluoreszierendes Protein (GFP) und alle davon abgeleiteten Varianten, Aquarin, Obelin.

Erfindungsgemäße rekombinante Konstrukte können auch DNA kodierend für die humane katalytische Telomerase Untereinheit und deren Varianten und Fragmente in antisense Orientierung enthalten. Gegebenenfalls können diese Konstrukte auch andere Protein-Untereinheiten der humanen Telomerase und die Telomerase-RNA-Komponente in antisense Orientierung enthalten.

Die rekombinanten Konstrukte können neben der DNA, kodierend für die humane katalytische Telomerase Untereinheit, sowie deren Varianten und Fragmente auch andere Protein-Untereinheiten der humanen Telomerase und die Telomerase-RNA-Komponente enthalten.

Die Erfindung betrifft weiterhin einen Vektor, enthaltend die oben genannten erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen, insbesondere die 5'-flankierenden DNA-Sequenzen, sowie eine oder mehrere der oben genannten anderen DNA-Sequenzen.

Bevorzugter Vektor für solche Konstrukte ist ein Virus, beispielsweise ein Retrovirus, Adenovirus, adeno-assoziiertes Virus, Herpes Simplex Virus, Vaccina Virus, lentivirales Virus, Sindbis Virus und ein Semliki Forest Virus.

20

25

5

10

15

Ebenfalls bevorzugt sind Plasmide als Vektoren.

Die Erfindung betrifft weiterhin pharmazeutische Präparate, enthaltend erfindungsgemäße rekombinante Konstrukte bzw. Vektoren; beispielsweise eine Zubereitung in einem kolloidalen Dispersionssystem.

Geeignete kolloidale Dispersionssysteme sind beispielsweise Liposome oder Polylysin-Liganden.

Die Zubereitungen der erfindungsgemäßen Konstrukte bzw. Vektoren in kolloidalen Dispersionssystemen können um einen Liganden ergänzt sein, der an Membranstruk-

turen von Tumorzellen bindet. Ein solcher Ligand kann z.B. an das Konstrukt bzw. den Vektor angeknüpft sein oder auch Bestandteil der Liposomenstruktur sein.

Geeignete Liganden sind insbesondere polyklonale oder monoklonale Antikörper oder Antikörperfragmente hiervon, die mit ihren variablen Domänen an Membranstrukturen von Tumorzellen binden, oder endständige Mannose-tragende Substanzen, Zytokine, Wachstumsfaktoren oder Fragmente bzw. Teilsequenzen hiervon, die an Rezeptoren auf Tumorzellen binden.

Entsprechende Membranstrukturen sind beispielsweise Rezeptoren für ein Zytokin oder einen Wachstumsfaktor, wie z.B. IL-1, EGF, PDGF, VEGF, TGF ß, Insulin oder Insulin-like Growth Factor (ILGF), oder Adhäsionsmoleküle, wie z. B. SLeX, LFA-1, MAC-1, LECAM-1 oder VLA-4, oder der Mannose-6-Phosphat-Rezeptor.

Zur vorliegenden Erfindung gehören pharmazeutische Zubereitungen, die neben den erfindungsgemäßen Vektorkonstrukten auch nichttoxische, inerte, pharmazeutisch geeignete Trägerstoffe enthalten können. Vorstellbar sind die Applikation (z.B. intravenös, intraarteriell, intramuskulär, subkutan, intradermal, anal, vaginal, nasal, transdermal, intraperitonal, als Aerosol oder oral) am Ort eines Tumors oder die systemische Applikation dieser Zubereitungen.

Die erfindungsgemäßen Vektorkonstrukte können in der Gentherapie eingesetzt werden.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine rekombinante Wirtszelle, insbesondere eine rekombinante eukaryotische Wirtszelle, enthaltend die vorstehend beschriebenen Konstrukte bzw. Vektoren.

Die Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren zur Identifizierung von Substanzen,

die die Promotor-, Silencer- oder Enhanceraktivität der katalytischen Telomerase

Untereinheit beeinflussen, wobei dieses Verfahren folgende Schritte umfaßt:

:

- A. Zugabe einer Kandidatensubstanz zu einer Wirtszelle, enthaltend die erfindungsgemäße regulatorische DNA-Sequenz, insbesondere die 5'-flankierende regulatorische DNA-Sequenz für das Gen der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit oder einen regulatorisch wirksamen Teilbereich davon, funktionell verknüpft mit einem Reportergen,
- B. Messung des Substanzeffektes auf die Reportergenexpression.
- Das Verfahren kann eingesetzt werden zur Identifizierung von Substanzen, die die Promotor-, Silencer- oder Enhanceraktivität der katalytischen Telomerase Untereinheit verstärken.
- Das Verfahren kann weiterhin eingesetzt werden zur Identifizierung von Substanzen, die die Promotor-, Silencer- oder Enhanceraktivität der katalytischen Telomerase Untereinheit inhibieren.
 - Die Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren zur Identifizierung von Faktoren, die spezifisch an Fragmente der erfindungsgemäßen DNA-Fragmente, insbesondere der 5'-flankierenden regulatorischen DNA-Sequenz der katalytischen Telomerase Untereinheit, binden. Diese Methode beinhaltet ein Screening einer Expressions-cDNA-Bibliothek mit der vorstehend beschriebenen DNA-Sequenz oder Teilfragmenten unterschiedlichster Länge als Sonde.
- Die vorstehend beschriebenen Konstrukte bzw. Vektoren können auch zur Herstellung transgener Tiere verwendet werden.
 - Die Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren zur Detektion Telomerase-assoziierter Zustände bei einem Patienten, das folgende Schritte umfaßt:

20

25

30

4

- A. Inkubation eines Konstruktes bzw. Vektors, enthaltend die erfindungsgemäße DNA-Sequenz, insbesondere die 5'-flankierende regulatorische DNA-Sequenz für das Gen der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit oder einen regulatorisch wirksamen Teilbereich davon sowie ein Reportergen mit Körperflüssigkeiten oder zellulären Proben,
- B. Detektion der Reportergenaktivität, um einen diagnostischen Wert zu erhalten;
- 10 C. Vergleich des diagnostischen Werts mit Standardwerten für das Reportergenkonstrukt in standardisierten normalen Zellen oder Körperflüssigkeiten des gleichen Typs wie die Testprobe;
- Detektion diagnostischer Werte, die höher oder niedriger als Standardvergleichswerte liegen, indiziert einen Telomerase-assoziierten Zustand, der wiederum einen pathogenen Zustand indiziert.

Erläuterung der Abbildungen:

20 Fig. 1: Southern Blot-Analyse mit genomischer DNA verschiedener Spezies

A: Foto eines Ethidiumbromid gefärbten 0,7 %igen Agarosegels mit etwa 4 μg Eco RI geschnittener genomischer DNA. Die Spur 1 enthält Hind III geschnittene λ-DNA als Größenmarker (23,5, 9,4, 6,7, 4,4, 2,3, 2,0, und 0,6 kb). Die Spuren 2 bis 10 enthalten genomische DNA von Mensch, Rhesusaffe, Spraque Dawley Ratte, BALB/c Maus, Hund, Rind, Kaninchen, Huhn und Hefe (Saccharomyces cerevisiae).

B: Zu Fig.1 A korrespondierendes Autoradiogramm einer Southern Blot-Analyse, hybridisiert mit einer radioaktiv-markierten etwa 720 bp langen hTC-cDNA Sonde. Fig. 2: Restriktionsanalyse der rekombinanten λ-DNA des Phagenklons P12, der mit einer Sonde aus dem 5'-Bereich der hTC-cDNA hybridisiert.

5

Die Abbildung zeigt ein Foto eines Ethidiumbromid gefärbten 0,4 %igen Agarosegels. Die Spuren 1 und 2 enthalten Eco RI/Hind III geschnittene λ-DNA bzw eine 1 kb Leiter der Firma Gibco als Größenmarker. Die Spuren 3 - 7 enhalten 250 ng mit Bam HI (Spur 3), Eco RI (Spur 4), Sal I (Spur 5), Xho I (Spur 6) und Sac I (Spur 7) geschnittene DNA des rekombinanten Phagens. Die Pfeile kennzeichnen die zwei λ-Arme des Vektors EMBL3 Sp6/T7.

10

Fig. 3:

Restriktionsanalyse und Southern Blot-Analyse der rekombinanten λ-DNA des Phagenklons, der mit einer Sonde aus dem 5'-Bereich der hTCcDNA hybridisiert.

15

A: Die Abbildung zeigt ein Foto eines Ethidiumbromid gefärbten 0,8%igen Agarosegels. Die Spuren 1 und 15 enthalten eine 1 kb Leiter der Firma Gibco als Größenmarker. Die Spuren 2 bis 14 enthalten 250 ng geschnittene λ-DNA vom rekombinanten Phagenklon. Als Enzyme wurden eingesetzt: Spur 2: Sac I, Spur 3: Xho I, Spur 4: Xho I, Xba I, Spur 5: Sac I, Xho I, Spur 6: Sal I, Xho I, Xba I, Spur 7: Sac I, Xho I, Xba I, Spur 8: Sac I, Sal I, Xba I, Spur 9: Sac I, Sal I, BamH I, Spur 10: Sac I, Sal I, Xho I, Spur 11: Not I, Spur 12: Sma I, Spur 13: leer, Spur

20

14: nicht verdaut.

25

B: Zu Fig.3 A korrespondierendes Autoradiogramm einer Southern Blot-Analyse. Als Sonde für die Hybridisierung wurde ein etwa 420 bp langes 5'-hTC-cDNA Fragment eingesetzt.

30

WO 99/33998

Fig. 4: Partielle DNA-Sequenz der 5'-flankierenden Region und des Promotors vom Gen der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit. Das ATG-Startcodon ist in der Sequenz fett hervorgehoben. Die dargestellte Sequenz entspricht SEQ ID NO 1.

5

Fig. 5: Identifizierung des Transkriptionsstarts durch Primer Extension-Analyse.

> Die Abbildung zeigt ein Autoradiogramm eines denaturierenden Polyacrylamidgels, welches zur Darstellung einer Primer Extension-Analyse

> gewählt wurde. Als Primer wurde ein Oligonukleotid mit der Sequenz 5'GTTAAGTTGTAGCTTACACTGGTTCTC 3' benutzt. In der Spur 1 wurde die Primer Extension Reaktion aufgetragen. Die Spuren G. A. T. C, stellen die Sequenzreaktionen mit dem gleichen Primer und den entsprechenden Dideoxynukleotiden dar. Der fette Pfeil kennzeichnet den Haupt-Transkriptionsstart, die dünnen Pfeile weisen auf drei Neben-

10

15

Fig. 6:

cDNA Sequenz der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit (hTC; vgl. unsere anhängige Anmeldung PCT/EP/98/03468). Die dargestellte Sequenz entspricht SEQ ID NO 2.

20

Fig. 7: Strukturelle Organisation und Restriktionsmappe des humanen hTC-Gens und dessen 5'- und 3'-flankierende Region.

Transkriptionsstartpunkte hin.

25

Exons sind als durchnummerierte schwarz ausgefüllte Rechtecke und Introns als nicht ausgefüllte Bereiche hervorgehoben. Nichttranslatierte Sequenzabschnitte in den Exons sind schraffiert. Die Translation startet in Exon 1 und endet in Exon 16. Restriktionsenzymschnittstellen sind wie folgt gekennzeichnet: S, SacI; X, XhoI. Die relative Anordnung der fünf Phagenklone (P2, P3, P5, P12, P17) und des Produktes aus dem "Genomic walking" sind durch dünne Linien hervorgehoben. Wie durch

30

die Punkte gekennzeichnet, ist die Sequenz von Intron 16 nur teilweise entschlüsselt.

Fig. 8: HTL Splicevarianten.

5

10

A: Schematische Struktur der hTC mRNA Splicevarianten. Die vollständige hTC mRNA ist als grau unterlegtes Rechteck im oberen Bereich der Abb. dargestellt. Die 16 Exons sind entsprechend ihrer Größe dargestellt. Der Translationsstart (ATG) und das Stop-Codon, sowie das Telomerase-spezifische T-Motiv und die sieben RT-Motive sind hervorgehoben. Die hTC-Varianten sind in Deletions- und Insertionsvarianten unterteilt. In den Deletionen sind die fehlenden Exonsequenzen markiert. Die Insertionen sind durch zusätzliche weiße Rechtecke hervorgehoben. Größe und Herkunft der insertierten Sequenzen sind angegeben. Neu entstandene Stop-Codons sind markiert. Die Größe der Insertion von Variante INS2 ist unbekannt.

15

20

B: Exon Intron Übergänge der hTC-Splice-Varianten. Nichtgesplicte 5'und 3'-flankierte Sequenzen sind als weiße Rechtecke hervorgehoben.
Die Herkunft der Exon und Intron Sequenzen ist angegeben. Intron und
Exon Sequenzen sind in Kleinbuchstaben, bzw. in Großbuchstaben
dargestellt. Die Donor und Akzeptor Sequenzen der Splicestellen sind als
graue Rechtecke unterlegt und deren Exon Intron Herkunft ist ebenfalls
angegeben.

25

30

Fig. 9: Identifizierung des Transkriptionsstarts durch RT-PCR Analyse.

Die RT-PCR wurde mit cDNA-Bibliothek aus HL 60 Zellen und genomischer DNA als Positivkontrolle durchgeführt. Ein gemeinsamer 3'-Primer hybridisiert an eine Sequenzregion aus Exon 1. Die Position der verschiedenen 5' Primer in der kodierenden Region oder der 5'flankierenden Region ist angegeben. In der Negativkontrolle wurde keine Template-DNA in der PCR-Reaktion zugegeben. M: DNA-Größenmarker.

Fig. 10: Nukleotidsequenz und Strukturmerkmale des hTC-Promotors.

11273 bp der 5'-flankierenden hTC Gensequenz, beginnend mit dem Translationsstartcodon ATG (+1) sind dargestellt. Die putative Region des Translationsstarts ist unterstrichen. Mögliche regulatorische Sequenzabschnitte innerhalb der 4000 bp stromaufwärts des Translationsstarts sind umrandet. Die dargestellte Sequenz entspricht SEQ ID NO 3.

10

15

5

Fig. 11: Aktivität des hTC-Promotors in HEK-293 Zellen.

Im oberen Bereich der Abbildung sind die ersten 5000 bp der 5'flankierenden hTC Genregion schematisch dargestellt. Das ATGStartcodon ist hervorgehoben. CpG reiche Inseln sind durch graue
Rechtecke markiert. Auf der linken Abbildungsseite sind die Größen der
hTC Promotor-Luziferase Konstukte dargestellt. Das pomotorlose pGL2Basic Konstrukt und das SV40 Promotorkonstrukt pGL2-Pro wurden in
jeder Transfektion als Kontrollen eingesetzt. Auf der rechten Abbildungsseite sind ist die relative Luziferaseaktivität der verschiedenen
Promotorkonstukte in HEK-Zellen als durchgehende Balken gezeigt. Die
Standardabweichung ist angegeben. Die Zahlenwerte repräsentieren den
Durchschnitt von zwei unabhängigen Experimenten, die in Duplikaten
durchgeführt wurden.

20

25 Tab. 1: Exon Intron Übergänge des hTC-Gens

Aufgelistet sind die Nukleotidsequenzen an den 3'- und 5' Spliceübergängen des hTC-Gens. Die Konsensussequenzen für Donor und Akzeptorsequenzen (AG und GT) sind durch graue Rechtecke unterlegt. Intronsequenzen (Kleinbuchstaben) und Exonsequenzen (Großbuchstaben), die die Spliceakzeptor- und Donorstellen flankieren sind gezeigt. Die Größe der Exons und Introns ist in bp angegeben.

30

Tab. 2: Potentielle Bindungsstellen für DNA-bindende Faktoren in der Nukleotidsequenz von Intron 2

Die Suche nach möglichen DNA-bindenden Faktoren (z.B. Transkriptionsfaktoren) wurde mit dem "Find Pattern"-Algorithmuses aus dem "GCG Sequenz Analysis" Programmpacket der "Genetics Computer Group" (Madison, USA) durchgeführt. Aufgelistet sind die Abkürzungen der identifizierten DNA-bindenden Faktoren und deren Lokalisation in

10 Intron 2.

										18										
		đq	à		104	8616	2089	687	494	>4660	98r	2485	1984	1871	380	88	318,	781	534	
		Intr	o	No.	н	7	m	4	S	9	7	œ	6	10	7	12	13	14	15	
		Intron			gtgggcctcccggggtcg	gtgaggaggtggtggccgt	gtactgtatccccacgcca	gtggetgtgetttggttta	gtgggtgccggggacccc	gtaaggttcacgtgtgata	gtetgggcactgcctgca	gtgagtcaggtggccaggt	gtgaggcetectetteece	gtgaggcccgtgcgtgtg	gtgagcgcacctggccgga	gtgagcaggctgatggtca	gtgagccgccaccaagggg	gtatgtgcaggtgcctggc	gcaagtgtgggtggaggcc	3. flankierende Region
5' Donor Sequence		Exon			CGCCCCTCCTTCCGCCAG	TGGCTGCGCAGGAGCCCAG	TGCAAAGCATTGGAATCAG	GTTCCGCAGAGAAAAGAGG	TGAGCTGTACTTTGTCAAG	CAAGGCCTTCAAGAGCCAC	TGCCGTCGTCATCGAGCAG	CCGTGCGCATCAGGGGCAA	CGGGGATTCGGCGGGACGG	ACGCGAAAACCTTCCTCAG	TGCAGAGCGACTACTCCAG	CCTGTTTCTGGATTTGCAG	TCCTGCTGCAGGCGTACAG	CTGAAAGCCAAGAACGCAG	CTGGGGTCACTCAGGACAG	TTTTTCAGTTTTGAAAAA
		đq			281	1354	196	181	180	156	96	86	114	72	189	127	62	125	138	664
		Exon	No.		ਜ	7	e	4	Ŋ	ø	7	œ	Ø	10	11	12	13	14	15	16
		Exon			GTTTCAGGCAGCGCTGCGT	GIGICCIGCCIGAAGGAGC	GGGTTGGCTGTGTTCCGGC	ACAGCACTTGAAGAGGGTG	GCCGAGCGTCTCACCTCGA	GIGGAIGIGACGGGCGCGI	GTCTCTACCTTGACAGACC	AGCTCCTCCCTGAATGAGG	GTCCTACGTCCAGTGCCAG	GCTGCTCCTGCGTTTGGTG	GACCCTGGTCCGAGGTGTC	CIAIGCCCGGACCICCAIC	GTGAACAGCCTCCAGACGG	GTTTCACGCATGTGTGCTG	GGATGTCGCTGGGGGCCAA	CCCAGACGCAGCTGAGTCG
2 V Accoutor Sequence	י ארכיים איניים	Intron			5' flankierende Region	cagggcgcttcccccgdag	catgreettetegetteag	gagggctctctattgdag	ccatgctgtcccgcdag	ctcgcctccactcacadag	ccctctcctcgccggcag	ctcccgtctgctttcgcag	ctgtgtcttcccgcccdag	gtatttcccttattttag	cattgccctctgccttag	attececetgtgtetag	tettettggegaetetag	ctgtccgccatcctctqag	agectetgttttccccaag	totgattttggccccgdag

Tab. 2

Faktoren	Lokalisation in Intron 2
C/EBP	2925
CRE.2	2749
Spl	2378, 4094, 4526, 4787, 4835, 4995
AP-2 CS3	5099
AP-2 CS4	2213, 3699, 4667, 5878, 5938, 6059, 6180, 6496
AP-2 CS5	5350, 5798, 5880, 5940, 6061, 6182, 6375, 6498
PEA3	934, 2505
P53	2125
GR uteroglobin	848, 1487, 2956
PR uteroglobin	3331
Zeste-white	1577, 1619, 1703, 1745, 1787, 1829, 1871, 1913, 1955, 1997, 2039, 2081, 3518, 3709, 4765, 5014, 5055
GRE	846
MyoD-MCK right	447, 509, 558, 1370, 1595, 1900, 2028, 2099, 4557
site/rev	
MyoD-MCK left site	108, 118, 453, 1566, 1608, 1692, 1734, 1818, 1902,
	1986, 2372, 2460, 2720, 3491, 5030
Ets-1 CS	6408
AP1	3784, 4406
CREB	2801
GATA-1	839, 1390, 3154
с-Мус	108, 118, 453, 1566, 1608, 1692, 1734, 1818, 1902,
_	1986, 2372, 2460, 2720, 3491, 5030
CACCC site	991
CCAAT site	1224
CCAC box	992
CAAT site	463, 2395
Rb site	992, 4663
TATA	3650
CDEI	106, 1564, 1606, 1690, 1732, 1816, 1900, 1984

Beispiele

Das menschliche Gen für die katalytische Telomerase Untereinheit (ghTC), sowie die 5' und 3' liegenden Bereiche dieses Gens wurden kloniert, der Startpunkt der Transkription bestimmt, potentielle Bindungsstellen für DNA-bindende Proteine identifiziert, sowie aktive Promotorfragmente aufgezeigt. Die Sequenz der hTC-cDNA (Fig. 6) ist bereits in unserer ebenfalls anhängigen Anmeldung PCT/EP/98/03468 beschrieben. Wenn nicht gesondert erwähnt, beziehen sich sämtliche Angaben zur cDNA-Position auf diese Sequenz.

10

15

20

25

5

Beispiel 1

Durch eine genomische Southern Blot-Analyse wurde bestimmt, ob ghTC im menschlichen Genom ein Einzelgen darstellt oder mehrere Loci für das hTC-Gen bzw. eventuell auch ghTC-Pseudogene existieren.

Hierzu wurde ein kommerziell erhältlicher Zoo-Blot der Firma Clontech einer Southern Blot-Analyse unterzogen. Dieser Blot enthält 4 µg Eco RI geschnittene genomische DNA von neun verschiedenen Spezies (Mensch, Affe, Ratte, Maus, Hund, Rind, Kaninchen, Huhn und Hefe). Mit Ausnahme von Hefe, Huhn und Mensch wurde die DNA aus Nierengewebe isoliert. Die humane genomische DNA wurde aus Plazenta isoliert und die genomische DNA aus Huhn wurde aus Lebergewebe aufgereinigt. Im Autoradiogramm in Fig. 1 wurde als radioaktiv-markierte Sonde ein etwa 720 bp langes hTC-cDNA Fragment, isoliert aus der hTC cDNA, Variante Del2 (Position 1685 bis 2349 plus 2531 bis 2590 der Fig. 6 [Deletion 2; vergl. Beispiel 5 der Fig. 8]), eingesetzt. Die experimentellen Bedingungen für die Hybridisierung und die Waschschritte des Blots erfolgten in Anlehnung an Ausubel et al. (1987).

Im Fall der humanen DNA erkennt die Sonde zwei spezifische DNA-Fragmente. Das kleinere, etwa 1,5 bis 1,8 kb lange Eco RI-Fragment geht wahrscheinlich auf zwei

:

Eco RI-Schnittstellen in einem Intron der ghTC-DNA zurück. Aufgrund dieses Ergebnisses ist davon auszugehen, daß nur ein singuläres ghTC-Gen im menschlichen Genom vorliegt.

5 Beispiel 2

10

15

20

25

30

Zur Isolierung der 5' flankierenden hTC-Gensequenz wurden ca 1,5 x 106 Phagen einer humanen genomischen Plazenta-Genbibliothek (EMBL 3 SP6/T7 der Firma Clontech, Bestellnummer HL1067j) auf Nitrozellulosefilter (0,45 μm; Fa. Schleicher und Schuell) nach Angaben des Herstellers mit einem radioaktiv markierten, etwa 500 bp langen 5'-hTC-cDNA Fragment (Position 839 bis 1345 der Fig. 6) hybridisiert. Die Nitrozellulosefilter wurden zunächst in 2 x SSC (0,3 M NaCl; 0,5 M Tris-HCl, pH 8,0) und anschließend in einer Prähybridisierungslösung (50 % Formamid; 5 x SSPE, pH 7,4; 5 x Denhards-Lösung; 0,25 % SDS; 100 μg/ml Heringsperma-DNA) zwei Stunden bei 42°C inkubiert. Für die Hybrididsierung über Nacht wurde die Prähybridisierungslösung mit 1,5 x 106 cpm/ml Lösung denaturierter, radioaktiv markierter Probe ergänzt. Unspezifisch gebundene, radioaktive DNA wurde unter stringenten Bedingungen, d.h. durch drei fünfminütige Waschschritte mit 2 x SSC; 0,1 % SDS bei 55 bis 65 °C entfernt. Die Auswertung erfolgte durch Autoradiographie der Filter.

Die in dieser Primäruntersuchung identifizierten Phagenklone wurden aufgereinigt Ausubel *et al.* (1987). In weitergehenden Analysen stellte sich ein Phagenklon P12 als potentiell positiv heraus. Eine λ -DNA Präparation dieses Phagens Ausubel *et al.* (1987) und der nachfolgende Restriktionsverdau mit Enzymen, die das genomische Insert in Fragmenten freisetzen, zeigte, daß dieser Phagenklon ein ca. 15 kb Insert im Vektor enthält (Fig. 2).

Zur Isolierung der vollständigen hTC-Gensequenz wurden in unabhängigen Experimenten jeweils 1 bis 1,5 x 10⁶ Phagen mit jeweils verschiedenen radioaktiv markierten Sonden wie oben beschrieben durchmustert.

Die in diesen Primäruntersuchungen identifizierten, für die entsprechenden Sonden positiven Phagenklone wurden aufgereinigt. Der Phagenklon P17 wurde mit einem etwa 250 bp langen hTC-cDNA Fragment (Position 1787 bis 2040 der Fig. 6) gefunden. Der Phagenklon P2 wurde mit einem etwa 740 bp langen hTC-cDNA Fragment (Position 1685 bis 2349 plus 2531 bis 2607 der Fig. 6 [Deletion 2; vergl. Beispiel 5]) identifiziert. Die Phagenklone P3 und P5 wurden mit einem 420 bp langen 3' hTC-cDNA Fragment (Position 3047 bis 3470 der Fig. 6) gefunden. Nach λ -DNA Präparation dieser Phagen und nachfolgendem Restriktionsverdau mit Enzymen, die das genomische Insert in Fragmenten freisetzen, wurden die Inserts in Plasmide umkloniert (Beispiel 4).

Beispiel 3

- Um zu untersuchen, ob auch das 5'-Ende der hTC-cDNA im Insert des rekombinanten Phagenklons P12 vorliegt, wurde λ-DNA dieses Klons in einer Southern Blot Analyse mit einem radioaktiv markierten etwa 440 bp langen hTC-cDNA Fragment (Position 1 bis 440 der Fig. 6) aus dem extremen 5'-Bereich hybridisiert (Fig. 3).
- Da die isolierte λ-DNA des positiven Klons auch mit dem extremen 5'-Ende der hTC-cDNA hybridisiert, enthält dieser Phage wahrscheinlich auch den das ATG-Startcodon flankierenden 5'-Sequenzbereich.

Beispiel 4

25

30

5

10

Um das gesamte 15 kb lange Insert des positiven Phagenklons P12 in Teilfragmenten umzuklonieren und anschließend zu sequenzieren, wurden zum DNA-Verdau Restriktionsendonukleasen ausgewählt, die zum einem das gesamte Insert aus EMBL3 Sp6/T7 freisetzen (vgl. Beispiel 2) und zusätzlich im Insert schneiden.

:

5

25

30

Insgesamt wurden ein etwa 8,3 und ein etwa 6,5 kb langes Xho I-Subfragment sowie ein etwa 8,5, ein etwa 3,5 und ein etwa 3 kb langes Sac I-Teilfragment in den Vektor pBluescript KS(+) (Fa. Stratagene) umkloniert. Durch Sequenzanalyse dieser Fragmente wurde die Nukleotidsequenz von 5123 bp 5'-flankierenden des ghTC-Genbereichs, ausgehend vom ATG-Startcodon bestimmt (Fig. 4; entsprechend SEQ ID NO 1). In der Fig. 4 sind die ersten (ausgehend vom ATG-Startcodon) 5123 bp dargestellt. In der Fig. 10 (entsprechend SEQ ID NO 3) die gesamte klonierte 5' Sequenz.

Um das gesamte ca. 14,6 kb große Insert des Phagenklons P17 in Teilfragmenten umzuklonieren, wurden zum DNA-Verdau Restriktionsendonukleasen ausgewählt, die zum einen das gesamte Insert aus EMLB3 Sp6/T7 freisetzen und zusätzlich einige Male im Insert schneiden. Durch Kombinationsverdau mit den Enzymen XhoI und BamHI wurden ein 7,1 kb, ein 4,2 kb und ein 1,5 kb großes XhoI-BamHI-Fragment sowie ein 1,8 kb großes BamHI-Fragment subkloniert. Der Kombinations-Restriktionsverdau mit den Enzymen XhoI und XbaI führte zur Klonierung von einem 6,5 kb großen XhoI-XbaI-Fragment, einem 6,5 kb und einem 1,5 kb großem XhoI-Fragment.

Die Umklonierung des ca. 17,9 kb großem Inserts des Phagenklons P2 in Subfragmente erfolgte durch Verdau mit dem Restriktionsenzym XhoI. Insgesamt wurde ein 7,5 kb, ein 6,4 kb sowie ein 1,6 kb langes XhoI-Subfragment kloniert. Durch Verdau mit dem Restriktionsenzym SacI wurde zusätzlich ein 4,8 kb, ein 3 kb, ein 2 kb sowie ein 1,8 kb großes SacI-Fragment subkloniert.

Das ca. 13,5 kb große Insert des Phagenklons P3 wurde durch Verdau mit den Restriktionsenzymen SacI bzw. XhoI subkloniert. Dabei wurden ein 3,2 kb, ein 2 kb, ein 0,9 kb, ein 0,8 kb, ein 0,65 kb und ein 0,5 kb langes SacI-Subfragment sowie ein 6,5 kb und ein 4,3 kb langes XhoI-Subfragment erhalten.

WO 99/33998

4

Die Subklonierung des ca. 13,2 kb großen Inserts des Phagenklons P5 erfolgte durch Verdau mit den Restriktionsenzymen SacI bzw. XhoI. Insgesamt wurden SacI-Fragmente von 6,5 kb, 3,3 kb, 3,2 kb, 0,8 kb und 0,3 kb Größe sowie XhoI-Fragmente von 7 kb und 3,2 kb Größe subkloniert.

5

10

15

20

25

30

Zur Klonierung des 3' von Phagenklon P17 und 5' von Phagenklon P2 gelegenen hTC-genomischen Sequenzbereichs wurden 3 Genomic Walkings mit Hilfe des GenomeWalker™ Kits der Firma Clontech (Katalognummer K1803-1) und verschiedenen Primerkombinationen durchgeführt. In einem Endvolumen von 50 ul wurde l µl humaner GenomeWalker Library HDL (Fa. Clontech) mit 10 pmol dNTP-Mix versetzt und in 1xKlen Taq PCR-Reaktionspuffer und 1xAdvantage Klen Taq Polymerase Mix (Fa. Clontech) eine PCR-Reaktion durchgeführt. Als Primer wurden 10 pmol eines internen genspezifischen Primers sowie 10 pmol des Adaptor Primers API (5'-GTAATACGACTCACTATAGGGC-3'; Fa. Clontech) zugefügt. Die PCR wurde als Touchdown-PCR in 3 Schritten durchgeführt. Zunächst wurde über 7 Zyklen für 20 sec bei 94°C denaturiert und anschließend für 4 min bei 72°C die Primer angelagert und die DNA-Kette verlängert. Es folgten 37 Zyklen bei denen für 20 sec die DNA bei 94°C denaturiert wurde, die anschließende Primerverlängerung aber für 4 min bei 67°C erfolgte. Abschließend folgte eine Kettenverlängerung für 4 min bei 67°C. Im Anschluß an diese erste PCR wurde das PCR-Produkt 1:50 verdünnt. Ein µl dieser Verdünnung wurde in einer zweiten "nested" PCR zusammen mit 10 pmol dNTP-Mix in 1xKlen Tag PCR-Reaktionspuffer und 1xAdvantage Klen Taq Polymerase-Mix sowie 10 pmol eines "nested" genspezifischen Primers und 10 pmol des "nested" Marathon Adaptor Primers AP2 (5'-ACTATAGGGCACGCGTGGT-3'; Fa. Clontech) eingesetzt. Die PCR-Bedingungen entsprachen den in der ersten PCR gewählten Parametern. Als einzige Ausnahme wurden im ersten PCR-Schritt statt 7 Zyklen nur 5 Zyklen gewählt und im zweiten PCR-Schritt statt 37 Zyklen nur 24 Zyklen durchlaufen. Produkte dieser Nested-GenomicWalking-PCR wurden in den TA-Cloning Vektor pCRII der Fa. InVitrogen kloniert.

Im ersten Genomic Walking wurde der genspezifische Primer C3K2-GSP1 (5'-GACGTGGCTCTTGAAGGCCTTG-3') sowie der "nested" genspezifische Primer C3K2-GSP2 (5'-GCCTTCTGGACCACGGCATACC-3') zusammen mit der HDL-Library 4 eingesetzt und ein 1639 bp langes PCR-Fragment erhalten. Im zweiten Genomic Walking wurde mit dem genspezifischen Primer C3F2 (5'-CGTAGTTGAGCACGCTGAACAGTG-3') und dem "nested" genspezifischen Primer C3F (5'-CCTTCACCCTCGAGGTGAGACGCT-3') aus der HDL-Library 4 ein PCR-Fragment von 685 bp Länge amplifiziert. Der dritte Genomic Walking Ansatz führte unter Einsatz des genspezifischen Primers DEL5-GSP1 (5'-GGTGGATGTGACGGGCGCGTACG-3') und des "nested" genspezifischen Primers C5K-GSP1 (5'-GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGC-3') zur Klonierung eines 924 bp PCR-Fragments aus der HDL-Library 1. Insgesamt wurden durch dieses Genomic Walking-Verfahren 2100 bp der 3' von Phagenklon P17 gelegenen genomischen hTC-Region identifiziert (s. Fig. 7).

15

20

25

10

5

Die subklonierten Fragmente sowie die Genomic Walking-Produkte wurden einzelsträngig sequenziert. Unter Verwendung der Lasergene Biocomputing Software (DNASTAR Inc. Madison, Wisconsin, USA) wurden überlappende Bereiche identifiziert und Contigs gebildet. Insgesamt wurden aus den gesammelten Sequenzen der Phagenklone P12, P17, P2, P3 und P5 sowie den Sequenzdaten aus dem Genomic Walking 2 große Contigs zusammengestellt. Contig 1 besteht aus Sequenzdaten von Phagenklon P12, P17 und den Sequenzdaten aus dem Genomic Walking. Contig 2 wurde aus den Sequenzen von Phagenklon P2, P3 und P5 zusammengesetzt. Überlappende Phagenklonbereiche sind in Fig. 7 schematisch dargestellt. Die Sequenzdaten der 2 Contigs sind nachfolgend dargestellt. Das ATG Startcodon in Contig 1 ist unterstrichen. Das TGA Stopcodon ist in Contig 2 unterstrichen.

Contig1:

	ACTTCACCCC	******	CCCTLCCCTC					
	ACTIONGCCC	AAGAGITCAA	GGCTACGGTG	AGCCATGATT	GCAACACCAC	ACGCCAGCCT	TGGTGACAGA	70
5	ATGAGACCCT	GTCTCAAAAA	AAAAAAAAA	AATTGAAATA	ATATAAAGCA	TCTTCTCTGG	CCACAGTGGA	140
)	ACAAAACCAG	AAATCAACAA	CAAGAGGAAT	TTTGAAAACT	ATACAAACAC	ATGAAAATTA	AACAATATAC	210
	TTCTGAATGA	CCAGTGAGTC	AATGAAGAAA	TTAAAAAGGA	AATTGAAAAA	TTTATTTAAG	CAAATGATAA	280
	CGGAAACATA	ACCTCTCAAA	ACCCACGGTA	TACAGCAAAA	GCAGTGCTAA	GAAGGAAGTT	TATAGCTATA	350
	AGCAGCTACA	TCAAAAAAGT	AGAAAAGCCA	GGCGCAGTGG	CTCATGCCTG	TAATCCCAGC	ACTTTGGGAG	430
	CCCAACCCCC	CCACATCCCC	TCACCTCACC	30CGCNG1GG	CICAIGCCIG	INATCCCAGC	ACTITUGGAG	420
10	COLCAROUCUU	GCAGAICGCC	IGAGGICAGG	AGTTCGAGAC	CAGCCTGACC	AACACAGAGA	AACCTTGTCG	490
10	CTACTAAAAA	TACAAAATTA	GCTGGGCATG	GTGGCACATG	CCTGTAATCC	CAGCTACTCG	GGAGGCTGAG	560
	GCAGGATAAC	CGCTTGAACC	CAGGAGGTGG	AGGTTGCGGT	GAGCCGGGAT	TGCGCCATTG	GACTCCAGCC	630
	TGGGTAACAA	GAGTGAAACC	CTGTCTCAAG	AAAAAAAAA	AAGTAGAAAA	ACTTAAAAAT	ACAACCTAAT	700
	GATGCACCTT	BARGRACTAG	AAAAGCAAGA	CCARACTARA	CCTAAAATTC	CTABARCARA	AGAAATAATA	770
	DACATCACAC	CACABATAAA	TCARACTCAR	*CIMIL CLAM	CCIAAAAIIG	GIAAAAGAAA	MUMMATAMIA	770
15	TTTTCALA	CUONULIANA	TORRACIORA	AGATAACAAT	ACAAAAGATC	AACAAAATTA	AAAGTTGGTT	840
13	ITITGAAAAG	ATAAACAAAA	TIGACAAACC	TTTGCCCAGA	CTAAGAAAAA	AGGAAAGAAG	ACCTAAATAA	910
	ATAAAGTÇAG	AGATGAAAAA	AGAGACATTA	CAACTGATAC	CACAGAAATT	CAAAGGATCA	CTAGAGGCTA	980
	CTATGAGCAA	CTGTACACTA	ATAAATTGAA	AAACCTAGAA	AAAATAGATA	AATTCCTAGA	TGCATACAAC	1050
	CTACCAAGAT	TGAACCATGA	AGAAATCCAA	AGCCCAAACA	CACCAATAAC	AATAATGGGA	TTAAAGCCAT	1120
	AATAAAAAGT	CTCCTAGCAA	ACACAACCCC	ACCACCCAAT	CCCTTCCCTC	CTCCATTTTA	CCAATCATTT	1100
20	AAACAACAAT	CARTTCCART	CCMACMCAAA	CONCCCANI	GGCTTCCCTG	CIGGATITIA	CCAAICATTI	1130
20	AAAOAAOAAI	GAATICCAAI	CCIACICAAA	CTATTCTGAA	AAATAGAGGA	AAGAATACTT	CCAAACTCAT	1260
	TCTACATGGC	CAGTATTACC	CTGATTCCAA	AACCAGACAA	AAACACATCA	AAAACAAACA	AACAAAAAA	1330
	CAGAAAGAAA	GAAAACTACA	GGCCAATATC	CCTGATGAAT	ACTGATACAA	AAATCCTCAA	CAAAACACTA	1400
	GCAAACCAAA	TTAAACAACA	CCTTCGAAAG	ATCATTCATT	GTGATCAAGT	GGGATTTATT	CCAGGGATGG	1470
	AAGGATGGTT	CARCATATEC	ABATCBATCA	ATCTCATACA	TCATCCCAAC	AAAATCAACT	ACAAAAACTA	1640
25	TATCATTATT	TCACTTTATC	CACAAAAACC	ATTOCATION	10010CCAAC	COMPONENT	ACAMAMACIA	1510
	INIONITATI	TORCITIATO	CAGAAAAAGC	ATTIGATAAA	ATTCTGCACC	CITCATGATA	AAAACCCTCA	1010
	AAAAACCAGG	TATACAAGAA	ACATACAGGC	CAGGCACAGT	GGCTCACACC	TGCGATCCCA	GCACTCTGGG	1680
	AGGCCAAGGT	GGGATGATTG	CTTGGGCCCA	GGAGTTTGAG	ACTAGCCTGG	GCAACAAAAT	GAGACCTGGT	1750
	CTACAAAAAA	CTTTTTTAAA	AAATTAGCCA	GGCATGATGG	CATATGCCTG	TAGTCCCAGC	TAGTCTGGAG	1820
	GCTGAGGTGG	GAGAATCACT	TAAGCCTAGG	AGGTCGAGGC	TGCAGTGAGC	CATGARCATG	TCACTGTACT	1890
30	CCAGCCTAGA	CAACAGAACA	ACACCCCACT	CRAMBACAAC	A CCA CA A CC	10110101111	AGGGAGGAG	1000
	LACCCACCAC	CACCACALACA	AGACCCCAC1	GAATAAGAAG	AAGGAGAAGG	AGAAGGGAGA	AGGGAGGAG	1900
	AAGGGAGGAG	GAGGAGAAGG	AGGAGGTGGA	GGAGAAGTGG	AAGGGGAAGG	GGAAGGGAAA	GAGGAAGAAG	2030
	AAGAAACATA	TTTCAACATA	ATAAAAGCCC	TATATGACAG	ACCGAGGTAG	TATTATGAGG	AAAAACTGAA	2100
	AGCCTTTCCT	CTAAGATCTG	GAAAATGACA	AGGGCCCACT	TTCACCACTG	TGATTCAACA	TAGTACTAGA	2170
	AGTCCTAGCT	AGAGCAATCA	GATAAGAGAA	AGAAATAAAA	GGCATCCAAA	CTGGAAAGGA	AGAAGTCAAA	2240
35	TTATCCTCTT	TGCAGATGAT	ATCATCTTAT	ATCTCCAAAA	CACTTAACAC	ACCACTABAA	AACTATTAGA	2210
	CCTCAAATTT	CCMACACCAC	CIGNICITAL	AICIGGAAAA	ONCITANOAC	ACCACIAMA	MACIAITAGA	2310
	GCIGAAATII	GGIACAGCAG	GATACAAAAT	CAATGTACAA	AAATCAGTAG	TATTTCTATA	TTCCAACAGC	2380
	AAACAATCTG	AAAAAGAAAC	CAAAAAAGCA	GCTACAAATA	AAATTAAACA	GCTAGGAATT	AACCAAAGAA	2450
	GTGAAAGATC	TCTACAATGA	AAACTATAAA	ATGTTGATAA	AAGAAATTGA	AGAGGGCACA	AAAAAAGAAA	2520
	AGATATTCCA	TGTTCATAGA	TTGGAAGAAT	AAATACTGTT	AAAATGTCCA	TACTACCCAA	AGCAATTTAC	2590
40	AAATTCAATG	CAATCCCTAT	TAAAATACTA	ATGACGTTCT	TCACAGAAAT	ACABCAACA	ATTCTAAGAT	2660
	TTGTACAGAA	CCDCDDDAGA	CCCACAATAC	CCARACCTAT	CCCCACACAAA	AACAACAAAA	CTGGAAGCAT	2770
	CACAMMACCM	CACCOCACA	CCCAGAAIAG	CCAAAGCIAI	CCIGACCAAA	AAGAACAAAA	CIGGAAGCAI	2730
	CACATIACCI	GACTICAAAT	TATACTACAA	AGCTATAGTA	ACCCAAACTA	CATGGTACTG	GCATAAAAAC	2800
	AGATGAGACA	TGGACCAGAG	GAACAGAATA	GAGAATCCAG	AAACAAATCC	ATGCATCTAC	AGTGAACTCA GCTGGAGGAA	2870
4.5	TTTTTGACAA	AGGTGCCAAG	AACATACTTT	GGGGAAAAGA	TAATCTCTTC	AATAAATGGT	GCTGGAGGAA	2940
45	CTGGATATCC	ATATGCAAAA	TAACAATACT	AGAACTCTGT	CTCTCACCAT	ATACAAAAGC	AAATCAAAAT	3010
	GGATGAAAGG	CTTABATCTA	AAACCTCAAA	CTTTCCAACT	ACTABABCAB	ALCACCCCAC	AAACTCTCCA	3080
	CCACATTCCA	CTCCCCNAAC	ACTTCTTCAC	TARTECCES.	CLCCCLCLCC	CARCOLLANG	ANACICICA	3150
	OUNCALIGON	GIGGGCAAAG	ACTICITIONS	TAATICCCIG	CAGGCACAGG	CAACCAAAGC	AAAAACAGAC AAGAGACAAC TATATAAGGA	7120
	AAATGGGATC	ATATCAAGTT	AAAAAGCTTC	TGCCCAGCAA	AGGAAACAAT	CAACAAAGAG	AAGAGACAAC	3220
c 0	CCACAGAATG	GGAGAATATA	TTTGCAAACT	ATTCATCTAA	CAAGGAATTA	ATAACCAGTA	TATATAAGGA	3290
50	GCTCAAACTA	CTCTATAAGA	AAAACACCTA	ATAAGCTGAT	TTTCAAAAAT	AAGCAAAAGA	TCTGGGTAGA CTGATCATCA	3360
	CATTTCTCAA	AATAAGTCAT	ACABATGGCA	AACAGGCATC	TCAAAATCTC	CTCAACACCA	CTGATCATCA	3430
	GAGAAATGCA	BATCABAACT	ACTATCACAC	ATCATCTCAT	CCCACTTAAA	ATCCCTTTTA	TTCAAAAGAC	3500
	ACCCA AMB A C	ARICCOCACO	CLCINIONONO	ATCATCTCAT	CCCAGITAAA	AIGGCIIIIA	TICAAAAGAC	3300
	AGGCAATAAC	AAATGCCAGT	GAGGATGTGG	ATAAAAGGAA	ACCCTTGGAC	ACTGTTGGTG	GGAATGGAAA	35/0
55	TTGCTACCAC	TATGGAGAAC	AGTTTGAAAG	TTCCTCAAAA	AACTAAAAAT	AAAGCTACCA	TACAGCAATC	3640
22	CCATTGCTAG	GTATATACTC	CAAAAAAGGG	AATCAGTGTA	TCAACAAGCT	ATCTCCACTC	CCACATTTAC	3710
	TGCAGCACTG	TTCATAGCAG	CCAAGGTTTG	GAAGCAACCT	CAGTGTCCAT	CAACAGACGA	ATGGAAAAAG	3780
	AAAATGTGGT	GCACATACAC	AATGGAGTAC	TACGCAGCCA	TABABABCAA	TGAGATCCTG	TCAGTTGCAA	3850
	CAGCATCCCC	CCCACTCCTC	ACTATOTAL	CTCARATAR	CCACCCACAC	PARCACERE	TTTTCATGTT	3030
	CACCATOGG	#C#CCCCCCC	AGIAIGIIAA	GIGAMAIAAG	CCAGGCACAG	AAAGACAAAC	ITTICATGIT	3920
60	CICCCITACT	TGTGGGAGCA	AAAATTAAAA	CAATTGACAT	AGAAATAGAG	GAGAATGGTG	GTTCTAGAGG	3990
60	GGTGGGGGAC	AGGGTGACTA	GAGTCAACAA	TAATTTATTG	TATGTTTTAA	AATAACTAAA	AGAGTATAAT	4060
	TGGGTTGTTT	GTAACACAAA	GAAAGGATAA	ATGCTTGAAG	GTGACAGATA	CCCCATTTAC	CCTGATGTGA	4130
	TTATTACACA	TTGTATGCCT	GTATCAAAAT	ATCTCATGTA	TECTATAGAT	ATABACCCTA	CTATATTAAA	4200
	TTAGAGTTAG	TTAATCCCCA	CCCACGCTCC	CTCATCTCCC	TAATCCCACC	ACTTTCCCAC	GCCGAGGCGG	4270
	CTCCKTCTC	TCACCTCACC	COCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCC	CICAIGICCG	I AM I CCCAGC	WATE TO CONTRACT	GCCGRGGCGG	12/0
65	DIGGATCACC	LONGGICAGG	AGI I I GAAAC	CAGICTGGCC	ACCATGATGA	AACCCTGTCT	CTACTAAAGA	4340
95	ACAAAAATT	AGCCAGGCGT	GGTGGCACAT	ACCTGTAGTC	CCAACTACTC	AGGAGGCTGA	GACAGGAGAA	4410
	TTGCTTGAAC	CTGGGAGGCG	GAGGTTGCAG	TGAGCCGAGA	TCATGCCACT	GCACTGCAGC	CTGGGTGACA	4480
	GAGCAAGACT	CCATCTCAAA	ACAAAAACAA	AAAAAAGAAG	ATTAAAATTG	TAATTTTTAT	GTACCGTATA	4550
	AATATATACT	CTACTATATT	AGAAGTTAAA	AATTAAAACA	ATTATAAAAC	GTARTTARCC	ACTTAATCTA	4620
	AAATBACAAC	AATCTATCTC	CCCGGGGGGG	COMCOCC SC	ALIAIMAMAG	PECCCO CC	TCCCACTATOLA	4600
70	CTCACCACC	MIGIAIGIG	COULTCTAG	CITCIGAAGA	MUTAAAAGTT	ATGGCCACGA	TGGCAGAAAT	1090
, 0	GIGAGGAGGG	MACAGTGGAA	GITACTGTTG	TTAGACGCTC	ATACTCTCTG	TAAGTGACTT	AATTTTAACC	4760
	AAAGACAGGC	TGGGAGAAGT	TAAAGAGGCA	TTCTATAAGC	CCTAAAACAA	CTGCTAATAA	TGGTGAAAGG	4830
	TAATCTCTAT	TAATTACCAA	TAATTACAGA	TATCTCTAAA	ATCGAGCTGC	AGAATTGGCA	CGTCTGATCA	4900
	CACCGTCCTC	TCATTCACGG	TGCTTTTTTT	CTTGTGTGCT	TGGAGATTTT	CGATTGTGTG	TTCGTGTTTG	4970
	GTTAAACTTA	ATCTGTATGA	ATCCTGAAAC	GAAAAATGGT	CCTCATTTCC	TCCAGAAGAA	TTAGAGTACC	5040
75	TGGCAGGAAG	CAGGTGGGGG	TGTGGACCTC	ACCCACAMO.	PACAACTICC	CTCTCTCCCC	AAGACCCAGG	5110
	- OUCHOONAG		. G. GONCCIG	AGCCACT TCA	MICLICANGO	GICICIGGCC	ANUNCCCAUG	3110

TGCAAGGCAG AGGCCTGATG ACCCGAGGAC AGGAAAGCTC GGATGGGAAG GGGCGATGAG AAGCCTGCCT 5180 CGTTGGTGAG CAGCGCATGA AGTGCCCTTA TTTACGCTTT GCAAAGATTG CTCTGGATAC CATCTGGAAA 5250
AGGCGGCCAG CGGGATGCA AGGAGTCAGA AGCCTCCTGC TCAAACCCAG GCCAGCAGCT ATGGCGCCCA 5320 CCTGGCGTCC GGCTGCACGC TGACCTCCAT TTCCAGGCGC TCCCGTCTC CTGTCATCTG CCGGGCCTG 6930 CCGGTGTGTT CTTCTGTTTC TGTGCTCCTT TCCACGTCCA GCTGCGTGTG TCTCTGCCCG CTAGGGTCTC 7000 GGGGTTTTTA TAGGCATAGG ACGGGGGCGT GGTGGGCCAG GGCGCTCTTG GGAAATGCAA CATTTGGGTG 7070
TGAAAGTAGG AGTGCCTGCC CTCACCTAGG TCCACGGGCA CAGGCCTGGG GATGGGAGCCC CCGCCAGGGG 7140
CCCGCCCCTT TCTGCCCAG ACGCCCCCC TTGGAACACA GAGTGGCAGT TTCCACAAGC 7210
ACTAAGCATC CTCTCCCAA AAGACCCAGC ATTGGCACCC CTGGACATT GCCCCACAGC CCTGGGAATT 7280
CACAGTGACTA CGCACATCAT GTACACACTC CCGTCCACGA CGGACCCCCG CTGTTTTATT TTAATAGCTA 7350
CAAAGCAGGG AAATCCTGC TAAAATTCTC TTTAACAAAC TGGTTAAACA ACGGGTCCA TCCGCACGGT 7420
GAGTCAAAAC TGCCACTCC ATGGGAACAT CCGTTTATAA ACCCTGCAGG CATCTCAAGG GAATTACGCT 7490
GAGTCAAAAAC TGCCACTCC ATGGGATCG TACGCAACAT GCTCAAAAAA ACAGAATTC ACCCATGGC 7560
AGGGGAGTGG TTAGGGGGGT TAAGGACGGT GGGGCGCA GCTGGGGGCT ACTGCACGCA CCTTTTACTA 7630
AAGCCAGTTT CCTGGTTCTG ATGGTATTGG CTCAGTTATG GGAGACTAC CATAGGGGAG TGGGGATGGG 7700 GGGGTTTTTA TAGGCATAGG ACGGGGCCGT GGTGGGCCAG GGCGCTCTTG GGAAATGCAA CATTTGGGTG 7070 AAGCCAGTTT CCTGGTTCTG ATGGTATTGG CTCAGTTATG GGAGACTAAC CATAGGGGAG TGGGGATGGG 7700
GGAACCCGGA GGCTGTGCCA TCTTTGCCAT GCCCGAGTGT CCTGGGCAGG ATAATGCTCT AGAGATGCCC 7770
ACGTCCTGAT TCCCCCAAAC CTGTGGACAG AACCCGCCCG GCCCCAGGGC CTTTGCAGGT GTGATCTCCG 7840 CCGTCTGGGT TCTACTGCTG GGCTGGAAGT CGGGCCTCCT AGCTCTGCAG TCCGAGGCTT GGAGCAGTG 10220
GCCTGGACCC CGAGGCTGCC CTCCACCCTT TGCGGGGGGG ATGTGACCAG ATGTTGGCCT CATCTGCCAG 10360
ACAGAGTGCC GGGGCCCAGG GTCAAGGCCG TTGTGGCTG TGTGAGGCGC CCGGTGCGC GCCAGCAGGA 10430
GCGCCTGGCT CCATTTCCCA CCCTTTCTCG ACGGGACCGC CCCGGTGGGT GATTAACAGA TTTGGGGTGG 10500

TTTGCTCATG GTGGGGACCC CTCGCCGCCT GAGAACCTGC AAAGAGAAAT GACGGGCCTG TGTCAAGGAG 10570 CCCAAGTCGC GGGGAAGTGT TGCAGGGAGG CACTCCGGGA GGTCCCGCGAT AGGGCGCATCCGGGA TTCTGGGTC 10640
GTCCTCGGGT TCGTCCCCAG CCGCGCTCTAC GCGCCTCCGT CCTCCCCTT ACGTCCGGCA TTCGTGGTC 10710
CCGGAGCCCG ACGCCCGCG TCCGGACCTG GAGGCAGCCC TGGGTCTCCG GATCAGGCCA GCGCCCAAAG 10780
GGTCGCCGCA CCCCTCTCC CCGGGCCCT CCACATCATG GCCCCTCCCT CGGGTTACCC CACAGCCTAG 10850
GCCGATTCGA CCTCTCCCG CTGGGCCCT CCGCGCCCTC CCTGCACCCT GGGGCCGAG CCGCCCCGC 10920 5 GGCGGGGAAG CGCGGCCCAG ACCCCCGGT CCGCCCGGAG CAGCTGCGCT GTCGGGGCCA GGCCGGGCTC 10990 10 GCGATGCCGC GCGCTCCCCG CTGCCGGGCC GTGCGCTCCC TGCTGCGCAC CCACTACCGC GAGGTGCTGC 11340
CCGCTGGCCAC GTTCGTGCGG CGCCTGGGGC CCCAGGGCT GCGCTGGTG CAGCGCGGGG ACCGGCGGC 11410
TTTCCGCGCG CTGGTGGCCC AGTGCCTGGT GTGCGTGCCC TGGGACGAC GGCCGCCCC CGCCCCCCC 11480
TCCTTCCGCC AGGTGGCCC CCCCGGGGT GGCGTCCGC TGGGGTTGGG GCGGCCGGG GGGAACCAC 11550
GACATGCGGA GAGCAGCGCA GGCGACTCAC GGCGCTTCCC CCCGAGGTGT CCTGCCTGAA GGAGCTGGTG 11620
GCCCGAGTGC TGCAGAGGCT GTGCGAAGCA CGGCGCAAGA ACGTGCTGGC CTCGCCTTGA GGAGCTGTGG 11690
ACGGGGCCCG CGGGGGCCC CCCCGAGGCCT TCACCACCAG CGTGGCACGC TACCTGCCCA ACACGGTGAC 11760
CGACGCACTC CGGGGGCCC CTTTGTGCT GTGGCTCCCA GCTGCCCCA CCAGGTGTC GTGGTTCAC 11830
CTGCTGCCAC GCTGCCCC ACTCAGGCCC GCCCCCCC ACACGCTACT GAGCCCCGAA GGCCCCCCGC 11900
TGTACCAGCT CGGCGCTGCC ACTCAGGCCC GCCCCCCCC ACACGCTACT GCACCCCGAA CCCCGGTGCC 11970
ATGCGAACGG GCCCCCCCA ATACGGTCAC ACACGGTCAC CCCGGTGCCC 11900 15 20 ATGCGAACGG GCCTGGAACC ATAGGGTCAG GGAGGCCGGG GTCCCCCTGG GCCTGCCAGC CCCGGGTGCG 12040
AGGAGGCGCG GGGGCAGTGC CAGCCGAAGT CTGCCGTTGC CCAAGAGGGC CAGGCGTGGC GCTGCCCCTG 12110
AGCCGGAAGG GACGCCCGTT GGGCAGGGGT CCTGGCCCCA CCCGGGCAGG ACGCGTGGAC CGAGTGACCG 12180 25 30 35 40 45 GAAACTCTGT CTTTAAAAAA AAAAAGTGTT CGTTGATTGT GCCAGGACAG GGTAGAGGGA GGGAGATAAG 13790 ACTGTTCTCC AGCACAGATC CTGGTCCCAT CTTTAGGTAT GAAGAGGGCC ACATGGGAGC AGAGGACAGC 13860 AGATGGCTCC ACCTGCTGAG GAAGGGACAG TGTTTGTGGG TGTTCAGGGG ATGGTGCTGC TGGGCCCTGC 13930 50 CGTGTCCCCA CCCTGTTTTT CTGGATTTGA TGTTGAGGGA CCTCCGGTCC AGCCCCCTT TGGGCCCTGC 19930
TGCTCCCAG CCCTACCGTG GCAGCTAGAA GAAGTCCCGA TTTCACCCC TCCCCACCAAA CTCCCAAGAC 14070
ATGTAAGACT TCCGGCCATG CAGACAAGGA GGGTGACCTT CTTGGGGCTC TTTTTTTTCT TTTTTCTTT 14140
TTATGGTGGG AAAAGTCATA TAACATGAGA TTGGCACTCC TAACACCGTT TTCTGTGTAC AGTGCAGAAT 14210 TGCTAACTCG GCGGTGTTTA CAGCAGGTTG CTTGAAATGC TGCGTCTTGC GTGACTGGAA GTCCCTACCC 14280 ATCGAACGGC AGCTGCCTCA CACCTGCTGC GGCTCAGGTG GACCACGCCG AGTCAGATAA GCGTCATGCA 14350 55 ATCAACGGC AGCTGCCTCA CACCTGCTGC GGCTCAGGTG GACCACGCGC AGTCAGATAG GCGTCATGCA 14350
ACCCAGTTT GCTTTTTTGTG CTCCAGGTTC CTTCGTTGAG GAGAGTTTGA GTTCTCTGAT CAGGACTCTG 14490
CCGTGTCATTG CTGTTCCTG ACTTCAGATG AGGTCACAAT CTGCCCCTGG CTTATGCAGG GAGTGAGGCG 14490
TGGTCCCCGG GTGTCCCTGT CACCTGCAGG GTGAGTGAGG CGTTGCCCC AGGTGTCCT GTCACGTGTA 14560
GGGTGAGTGA GGGGGGCCC CCGGGTGTCC CTGTCCCGTG CAGCGTGATT GAGGGTGGGC CCCCGGGTGT 14630
CCCTGTCACG TGTAGGGTGA GTGAGGCGCC ATCCCCGGGT GTCCCTTGTCA CGTGTAGGGT GAGTGAGGCG 14700
TGGTCCCCGG GTGTCCCTGT CCCGGTGCAGG GTGAGTGAGG CACTGTCCCC GGGTGTCCCT GTCACGTGCA 14700 60 GGGTGGTGG GCGCGGTCC CCCGGGTGCC TCTCCAGGTG TAGGCTGGGT GGTGGTCCT GTCACGTGCA 14770
CGGTTGAGTGA GCGCGGGTCC CCCGGGTGTC TAGGGTGGGT GAGGGCGCGC CCCAGGGTGT 14840
CCCTGTCACG TGTAGGGTGA GTGAGGCACC GTCCCTGGGT GTCCCTCCCA GGTATAGGGT GAGTGAGGCA 14910
CTGTCCCCGG GTGTCCCTGT CACGTGCAGG GTGAGTGAGG CGCGGCCCC GGGTGTCCCT CTCAGGTGCA 14980
GGGTGAGTGA GGCGCTGTCC CTGGGTGCCC CTGTCTCGTG TAGGGTGAGT GAGCCTCTG CCCCAGGTGT 15050
CCTTGGCGTT TGCTCACTTG AGCTTGCTCC TGAATGTTTG CTCTTTCTAT AGCCACAGCT GCCCGGTTG 15120
CCCATTGCCT GGGTAGATGG TGCAGGCGCA GTGCTGGCTC CCAAGCCTAT CTTTTCTGAT GCTCGGCTC 15120
CCTTGGTCAC CTCTCCGTTC CATTTTGCTA CGGGGACACG GGACTGCAGC CTCTCCCCTC CCCGGTGCCA 15260
GGCACTGCAG CCACAGCTTC AGGTCCCGCTT GCTCACCACG TGCCCGCCAC 15340
ATGCATGCTG CCAAAGCTTC ATTCCCAGCT TGCTCTCTTCT 15400 65 70 ATGCATGCTG CCAATACTCC TCTCCCAGCT TGTCTCATGC CGAGGCTGGA CTCTGGGCTG CCTGTGTCTC 15400
CTGCCACGTG TTGCTGGAGA CATCCCAGAA AGGGTTCTCT GTGCCCCTGAA GGAAAGCAAG TCACCCCAGC 15470
CCCCTCACTT GTCCTGTTTT CTCCCAAGCT GCCCCTCTGC TTGGCCCCCT TGGGTGGGTG GCAACGCTTG 15540 TCACCTTATT CTGGGCACCT GCCGCTCATT GCTTAGGCTG GGCTCTGCCT CCAGTCGCCC CCTCACATGG 75

	CACTTTCAAG	TGTTCTTAAA	ATACTTCAAA	GTGTTAATAC	TTCTTTTAAG	TATTCTTATT	CTGTGATTTT	15960
	TTTCTTTGTG	CACGCTGTGT	TTTGACGTGA	AATCATTTTG	ATATCAGTGA	CTTTTAAGTA	TTCTTTAGCT	16030
	TATTCTGTGA	TTTCTTTGAG	CAGTGAGTTA	TTTGAACACT	GTTTATGTTC	AAGATATGTA	GAGTATCAAG	16100
5	ATACGTAGAG	TATTTTAAGT	TATCATTTTA	TTATTGATTT	CTAACTCAGT	TGTGTAGTGG	TCTGTATAAT	16170
,	ACCAATTATT	TGAAGTTTGC	GGAGCCTTGC	TTTGTGATCT	AGTGTGTGCA	TGGTTTCCAG	AACTGTCCAT	16240
	ANCOMMON	ACATCCTGTC	AATAGTGGGC	ATGCATGTTC	ACTATATCCA	GCTTATTAAG	GTCCAGTGCA	16310
	#CTCTTC1G1	CICCIICIAG	ATGCATGAAA	TTCCAAGAAG	GAGGCCATAG	TCCCTCACCT	GGGGGATGGG	16380
	TOTALICALI	CAMCACTCA	TGGTAGCATT	TATGTGAGGC	ATTGTTAGGT	GCATGCACGT	GGTAGAATTT	16450
10							TTTTTTTAAA	
10	AATTTATATA	TATATATATA	CIGGGCIICI	TTTTTCACACA	CACTCOTTCCTGC	CECECCOCA	TTCTGCCTTT GGGTGAGTGC	16590
	ACTCCTCTCA	TCACACCTCA	CTCTABCTTT	TRECOMMEN	CAGICIIGGI	CIGICGCCCA	CAGCCTCCTG	10000
							GACAGGGTCT	
							TCCCAAAGTG	
15	CTGAATTACA	GGCATGAGCC	ACCATGTCTG	CCCTAATTTT	CAACACTTTT	ATATTCTTAT	AGTGTGGGTA	16040
	TGTCCTGTTA	ACAGCATGTA	GGTGAATTTC	CAATCCAGTC	TGACAGTCGT	TOTTTANCTO	GATAACCTGA	17010
	TTTATTTTCA	TTTTTTTGTC	ACTAGAGACC	CGCCTGGTGC	ACTOTGATTO	TCCACTTGCC	TGTTGCATGT	17080
							TGTTGATCCT	
							TGATCTTTTT	
20							TAATGGCACA	
	ATCTCGGCTC	ACTGCAACCT	CTGCCTCCTC	GGTTCAAGCA	GTTCTCATTC	CTCAACCTCA	TGAGTAGCTG	17360
							TTCACCATGT	
							TGCTGGGATT	
~ ~	ACAGGTGCAA	GCCACCGTGC	CCGGCATACC	TTGATCTTTT	AAAATGAAGT	CTGAAACATT	GCTACCCTTG	17570
25	TCCTGAGCAA	TAAGACCCTT	AGTGTATTTT	AGCTCTGGCC	ACCCCCCAGC	CTGTGTGCTG	TTTTCCCTGC	17640
							TTTCCGTGTT	
							TGTCTCAGGC	
							TAAACCCCAG	
20							ACAGATGAAG	
30							GCCAGCGTTC	
							CATGTCGGGG	
	TCTGGTGGCT	CCGCGGTGTC	GAGTTTGAAA	TCGCGCAAAC	CTGCGGTGTG	GCGCCAGCTC	TGACGGTGCT	18130
							CTCCGAGCCG	
35							GCGCGGTGGC	
55							TCGAGACCAT	
							GGCGGGTGCC	
							GTTGCAGTGA	
							AAAAAAAAA TAATAATAGA	
40							CACTCACAGG	
.0							ATCTCGGCCT	
							GGTCGCCAGG	
							CCCTGCTGTG	
							AGCTGGAGGT	
45							TGTGGTGTCT	
							GGATGATGCA	
							AGGTCTGGGG	
							GTGAGGTCGC	
	CAGACGGTGC	CAGACCATGC	GGTGAGCTGG	ATATGCGGTG	TCCGGATGGT	GCAGGTCTGG	GGTGAGGTTG	19320
50							ACCAGGCCCT	
	GCTGTGAGCT	GGATGTGTGG	TGTCTGGATG	GTGCAGGTCT	GGGGTGAAGG	TCGCCAGGCC	CCTGCTTGTG	19460
							AGCTGGATGT	
							TGCGGTGTCT	
							GGATGGTGCC	
55							AGGTCTGGAG	
							GTGAGGTCTC	
							CAGGCCCTGC	
							GGTGAGCTGG	
60							GATGTGCGGC	
00							GTCCGGATGA	
							GTGCAGTCCG GGGGTGAGGT	
							TCGCCAGGCC	
							GCTAGGCCCT	
65							TGGTGAGCTG	
••							GATGTGTGGT	
							TGTCTGGATG	
							GGTGCAGGTC	
							CCGGGGTGAG	
70							GGTCGCCAGG	
	CCCTGCTGTG	AGCTGGATGT	GCTGTATCCG	GATGGTGCAG	GTCCGGGGTG	AGGTCGCCAG	GCCCTGCAGT	20860
							TTAGCTGGAT	
							GTGCGGTGTC	
7.5							CCGGATGGTG	
75							GCAGGTCTGG	
							GGGTGAGGTC	
	GCCAGGCCCT	GCGGTGGGCT	GTATGTGTGT	TGTCTGGATG	GTGCAGGTCC	GGGGTGAGTT	CGCCAGGCCC	21280

:

	TGCGGTGAGC	TGGATGTGTG	GTGTCTGGAT	GCTGCAGGTC	CGGGGTGAGT	TCGCCAGGCC	CTCGGTGAGC	21350
	TGGATATGCG	GTGTCCCCGT	GTCCGAATGG	TGCAGGTCCA	GGGTGAGGTC	GCCAGGCCCT	TGGTGGGCTG	21420
	GATGTGCCGT	GTCCGGATGG	TGCAGGTCTG	GGGTGAGGTC	GCCAGGCCCT	TGGTGAGCTG	GATGTGCGGT	21490
-	GTCCGGATGG	TGCAGGTCCG	GGGTGAGGTC	ACCAGGCCCT	CGGTGATCTG	GATGTGGCAT	GTCCTTCTCG	21560
5	TTTAAGGGGT	TGGCTGTGTT	CCGGCCGCAG	AGCACCGTCT	GCGTGAGGAG	ATCCTGGCCA	AGTTCCTGCA	21630
	CTGGCTGATG	AGTGTGTACG	TCGTCGAGCT	GCTCAGGTCT	TTCTTTTATG	TCACGGAGAC	CACGTTTCAA	21700
	AAGAACAGGC	TCTTTTTCTA	CCGGAAGAGT	GTCTGGAGCA	AGTTGCAAAG	CATTGGAATC	AGGTACTGTA	21770
	TCCCCACGCC	AGGCCTCTGC	TTCTCGAAGT	CCTGGAACAC	CAGCCCGGCC	TCAGCATGCG	CCTGTCTCCA	21840
	CTTGCCTGTG	CTTCCCTGGC	TGTGCAGCTC	TGGGCTGGGA	GCCAGGGGCC	CCGTCACAGG	CCTGGTCCAA	21910
10	GTGGATTCTG	TGCAAGGCTC	TGACTGCCTG	GAGCTCACGT	TCTCTTACTT	GTAAAATCAG	GAGTTTGTGC	21980
	CAAGTGGTCT	CTAGGGTTTG	TAAAGCAGAA	GGGATTTAAA	TTAGATGGAA	ACACTACCAC	TAGCCTCCTT	22050
	GCCTTTCCCT	GGGATGTGGG	TCTGATTCTC	TCTCTCTTTT	TTTTTTCTTT	TTTGAGATGG	AGTCTCACTC	22120
	TGTTGCCCAG	GCTGGAGTGC	AGTGGCATAA	TCTTGGCTCA	CTGCAACCTC	CACCTCCTGG	GTTTAAGCGA	22190
	TTCACCAGCC	TCAGCCTCCT	AAGTAGCTGG	GATTACAGGC	ACCTGCCACC	ACCCCTCCCT	AATTTTTCTA	22260
15	CTTTTAGGAG	AGACGGGGTT	TCACCATGTT	GGCCAGGCTG	GTCTCGAACT	CATGACCTCA	GGTGATCCAC	22330
	CCACCTTGGC	CTCCCAAAGT	GCTGGGTTTA	CAGGCTAAGC	CACCGTGCCC	AGCCCCCGAT	TCTCTTTTAA	22400
	TTCATGCTGT	TCTGTATGAA	TCTTCAATCT	ATTGGATTTA	GGTCATGAGA	GGATAAAATC	CCACCCACTT	22470
	GGCGACTCAC	TGCAGGGAGC	ACCTGTGCAG	GGAGCACCTG	GGGATAGGAG	AGTTCCACCA	TGAGCTAACT	22540
	TCTAGGTGGC	TGCATTTGAA	TGGCTGTGAG	ATTTTGTCTG	CAATGTTCGG	CTGATGAGAG	TGTGAGATTG	22610
20	TGACAGATTC	AAGCTGGATT	TGCATCAGTG	AGGGACGGGA	GCGCTGGTCT	GGGAGATGCC	AGCCTGGCTG	22680
	AGCCCAGGCC	ATGGTATTAG	CTTCTCCGTG	TCCCGCCCAG	GCTGACTGTG	CACCCCTTTA	CTCAGAAGAT	22750
	CAGGGCTTCC	CCAGCTCCCC	TGCACACTCG	AGTCCCTGGG	GGGCCTTCTG	ACACCCCATC	CCCCAAATCA	22920
	GGATGTCTGC	AGAGGGAGCT	GGCAGCAGAC	CTCCTCAGAG	CTARCACACC	CTCTCCCCTC	CCCAAATCA	22020
	CGTGGTGCTG	GGGCCATTTC	CTTGCATCTG	GGGGAGGGTC	ACCCCTTTCC	CTCTCCCAAC	AACTTAATAC	22050
25	ACAATGCACC	TTACTTAGAC	TTTACACCTA	TTTARTCCTC	TCCCACCCAA	CIGIGGGAAC	TCACCACTAT	22300
	TTTGGAAAGA	ATTTAATTGG	CCTCACCCCA	ACCACCACAC	1 GC GACCCAA	CATGGTCATT	TGACCAGTAT	23030
		ACTGTTGTTC						
		GCTGGGCCTG						
	ACCCACTCC	ACCCTCTCTCAC	CCACACATCC	CCACCTCCACC	AGCTCCGGAG	CACCCGCGGC	CCCAGTGTCC	23290
30	CCCTCCTTTT	AGGCTGTCAG	CCACAGATGC	CCAGGICCAG	GIGIGGCCGC	TCCAGCCCCC	GTGCCCCCAT	23310
50	CCTCCTTCCC	GGGGGAAAAG	GCCAAGGGCA	GAGGIGICAG	GAGACTGGTG	GGCTCATGAG	AGCTGATTCT	23380
	CTCCCCCTCC	TGAGCTGCCC	CACCERTCCC	CICCCGCCCT	CTCCATCTGA	AGGGATGTGG	CICITICIAC	23450
		TGCCTGGGGC						
		GGGTTCACGT						
35	CTCCAACCTAC	GGGTTGACCG	ACACCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCC	CGTCCCCAGG	GTTGACTATA	GGACCAGGTG	TCCAGGTGCC	23660
,,	CIGCAAGTAG	AGGGGCTCTC	AGAGGCGTCT	GGCTGGCATG	GGTGGACGTG	GCCCCGGGCA	TGGCCTTCAG	23730
	CGIGIGCIGC	CGTGGGTGCC	CTGAGCCCTC	ACTGAGTCGG	TGGGGGCTTG	TGGCTTCCCG	TGAGCTTCCC	23800
	CCTAGTCTGT	TGTCTGGCTG	AGCAAGCCTC	CTGAGGGGCT	CTCTATTGCA	GACAGCACTT	GAAGAGGGTG	23870
	CAGCTGCGGG	AGCTGTCGGA	AGCAGAGGTC	AGGCAGCATC	GGGAAGCCAG	GCCCGCCCTG	CTGACGTCCA	23940
40	GACTCCGCTT	CATCCCCAAG	CCTGACGGGC	TGCGGCCGAT	TGTGAACATG	GACTACGTCG	TGGGAGCCAG	24010
40	AACGTTCCGC	AGAGAAAAGA	GGGTGGCTGT	GCTTTGGTTT	AACTTCCTTT	TTAAACAGAA	GTGCGTTTGA	24080
	GCCCCACATT	TGGTATCAGC	TTAGATGAAG	GGCCCGGAGG	AGGGGCCACG	GGACACAGCC	AGGGCCATGG	24150
		ACCCATTIGT						
		GGAGCTCCTG						
45	GATGCAGCAC	GGCCCGAGGT	CCTGGATCCG	TGTCCTGCTG	TGGTGCGCAG	CCTCCGTGCG	CTTCCGCTTA	24360
43	CGGGGCCCGG	GGACCAGGCC	ACGACTGCCA	GGAGCCCACC	GGGCTCTGAG	GATCCTGGAC	CTTGCCCCAC	24430
	GGCTCCTGCA	CCCCACCCCT	GTGGCTGCGG	TGGCTGCGGT	GACCCCGTCA	TCTGAGGAGA	GTGTGGGGTG	24500
	AGGTGGACAG	AGGTGTGGCA	TGAGGATCCC	GTGTGCAACA	CACATGCGGC	CAGGAACCCG	TTTCAAACAG	24570
	GGTCTGAGGA	AGCTGGGAGG	GGTTCTAGGT	CCCGGGTCTG	GGTGGCTGGG	GACACTGGGG	AGGGGCTGCT	24640
50	TCTCCCCTGG	GTCCCTATGG	TGGGGTGGGC	ACTTGGCCGG	ATCCACTTTC	CTGACTGTCT	CCCATGCTGT	24710
50		CCGAGCGTCT						
		CCTCCTGGGC						
		CGGGCCCAGG						
	GAGCAGCCCT	GCTGGACCTT	GGGAGTGGCT	GCCTGATTGG	CACCTCATGT	TGGGTGGAGG	AGGTACTCCT	24990
		CAGGGAGTGC						
5 5	TTCAGCCTTT	CCTGCAGCAC	ATGGGGCCGA	CTGTGCACCC	TGACTGCCCG	GGCTCCTATT	CCCAAGGAGG	25130
	GTCCCACTGG	ATTCCAGTTT	CCGTCAGAGA	AGGAACCGCA	ACGGCTCAGC	CACCAGGCCC	CGGTGCCTTG	25200
	CACCCCAGTC	CTGAGCCAGG	GGTCTCCTGT	CCTGAGGCTC	AGAGAGGGGA	CACAGCCCGC	CCTGCCCTTG	25270
		TGGTGGGGGT						
60	ATGTCTGAGT	TTCTGCGTGG	CCACTGTCAG	TCTCCTCGCC	TCCACTCACA	CAGGTGGATG	TGACGGGCGC	25410
60	GTACGACACC	ATCCCCCAGG	ACAGGCTCAC	GGAGGTCATC	GCCAGCATCA	TCAAACCCCA	GAACACGTAC	25480
	TGCGTGCGTC	GGTATGCCGT	GGTCCAGAAG	GCCGCCCATG	GGCACGTCCG	CAAGGCCTTC	AAGAGCCACG	25550
	TAAGGTTCAC	GTGTGATAGT	CGTGTCCAGG	ATGTGTGTCT	CTGGGATATG	AATGTGTCTA	GAATGCAGTC	25620
	GTGTCTGTGA	TGCGTTTCTG	TGGTGGAGGT	ACTTCCATGA	TTTACACATC	TGTGATATGC	GTGTGTGGCA	25690
		GTGGTGCATG						
65		TGTGCCTGTG						
	CATGTCTGTG	ATGTGCCTAT	TTGTGGTGTG	TGTGTGCATG	TGTCCGTGAC	ATATGCGTGT	CTATGGCATG	25900
		GCCCCTTGGC						
		TTTGGGGAGC						
	GGGCTGGGCC	TTGGAGACTG	TAAGCCAGGT	TTGAGAGGAG	AGTAGGGATG	CTGGTGGTAC	CTTCCTGGAC	26110
70	CCCTGGCACC	CCCAGGACCC	CAGTCTGGCC	TATGCCGGCT	CCATGAGATA	TAGGAAGGCT	GATTCAGGCC	26180
	TCGCTCCCCG	GGACACACTC	CTCCCAGAGC	GGCCGGGGGG	CTTGGGGGCTC	GGCAGGGGTG	AAAGGGGCCC	26250
		TTCCCACCCA						
		GTGAAGAAGT						
		TGACTTCTTG			LUUNUNUUUN	-nioionan		26414
75	- 310111010	- 5						-0747
75								

75

Contig 2:

	TGTGGGATTG	GTTTTCATGT	GTGGGATAGG	TGGGGATCTG	TEGERATTEET	TTTTATGAGT	GGGGTAACAC	70
	AGAGTTCAAG	GCGAGCTTTC	TTCCTGTAGT	GGGTCTGCAG	CTCCTCCAAC	ACCTTTATTC	AGGAGACCAT	140
5	ATCTTCCTTT	CARCTRICCT	CCCCTTTATA	CTARCTCACC	CCTCTCCACC	CCCCCCCCCC	GCTCCCTGTT	140
•	CTCTTTCTTC	CACTCTCCCC	COGGIIIAIA	GIAAGICAGG	GGIGIGGAGG	CCICCCIGG	GUICCUTGIT	210
	CIGITICITE	CACTCTGGGG	TCGTGTGGTG	CCTGCTGTGG	TGTGTGGCCG	GTGGGCAGGG	CTTCCAGGCC	280
	rectricter	CATTGGCCTG	GATGTGGCCC	TGGCTACGCT	CCGTCCTTGG	AATTCCCCTG	CGAGTTGGAG	350
	GCTTTCTTTC	TTTCTTTTTT	TCTTTCTTTT	TTTTTTTTTT	TGATAACAGA	GTCTCGCTCT	TTTTTGCCCA	420
	GGCTGGAGTG	GTTTGGCGTG	ATCTTGGCTC	ACTGCAACCT	GTGCTTCCTG	AGTTCAAGCA	ATTCTCTTGC	490
10	CTCAGCCTCC	CAAGTAGCTG	GAATTATAGG	CGCCCACCAC	CATGCTGACT	AATTTTTCTA	ATTTTAGTAG	560
	AGACGAGGTT	TCTCCATGTT	GGCCAGGCTG	GTCTCGAACT	CCTCACCTCA	CCTCTTCCTC	CCACCTCGGC	630
	CTCCCAAACT	CCTCCCATCA	CACCACACA	CCCCCCCCCCC	CCIGACCICA	GGIGATCCIC	CAGCTTCCGT	630
	CICCCAAAGI	CCIGGGAIGA	CAGGIGIGAA		CGGCCGAGAC	TEGETTEETG	CAGCTTCCGT	700
	GAGATCTGCA	GCGATAGCTG	CCTGCAGCCT	TGGTGCTGAC	AACCTCCGTT	TTCCTTCTCC	AGGTCTCGCT	770
1.5	AGGGGTCTTT	CCATTTCATG	ACTCTCTTCA	CAGAAGAGTT	TCACGTGTGC	TGATTTCCCG	GCTGTTTCCT	840
15	GCGTAATTGG	TGTCTGCTGT	TTATCGATGG	CCTCCTTCCA	TTTCCTTTAG	GCTTTGTTTA	TTGTTGTTTT	910
	TCCGGCTCCT	TGAAGGAAAA	GTTTCGATTA	TGGATGTTTG	AACTTTCTTT	TCTAAACAAG	CATCTGAAGT	980
	TGCCGTTTTC	CCTCTAAAGC	AGGGATCCCG	AGGCCCCTGG	CTCTCCACTC	CCACCCCTCT	GGGGCCTGTT	1050
	ACCAACCCCC	CCCACACCCC	CACCCTACCT	CCCCCCCCCC	CACCCACCC	MCCCCCCCCCCC	GGGGCCIGII	1030
	TOTOLOG	COCACAGCGG	GAGGCTAGGT	GGGGTGTGGG	GAGCCAGCGT	TCCCGCCTGA	GCCCGCCCC	1120
20	TCTCAGATCA	GCAGTGGCAT	GCGGTGCTCA	GAGGCGCACA	CACCCTACTG	AGAACTGTGC	GTGAGAGGGG	1190
20	TCTAGATTCT	GTGCTCCTTA	TGGGAATCTA	ATGCCTGATG	ATCTGAGGTG	GAACCGTTTG	CTCCCAAAAC	1260
	CATCCCCTTC	CCCACTGCTG	TCCTGTGGAA	'AAATCGTCTT	CCACGAAACC	AGTCCCTGGT	ACCACAATGG	1330
	TTGGGGACCC	TGTGCTAAAG	ACCTGCTTCA	GCAGCCTCTC	GTCAGTGTTG	ATATATTCCC	TTTTCTGTGT	1400
	TGAGTCCAGA	ATAATTACGG	ATTTCTGTGA	TECTTTCCCC	CGACCTCAGA	CCCATCCCCT	ATTTGTGGGC	1470
	GTGTTGCCTG	CTCCTCCCTT	CCCAACCCTC	CACCCCCCAR	CONCCICAGA	CCCVIGGGCI	TCCAGGTTGG	1470
25	TTCTCACCCTG	70117	GGGAAGGGIG	CAGGCCCCAT	GIACUTTCCT	GTTACTGCCT	TCCAGGTTGG	1540
23	TTCTCAGGGT	TGAATCGTAC	TCGATGTGGT	TTTAGCCCAC	GGCCCTGCCG	CCAGCTCCTG	GGGGCTGGGG	1610
	AACATGCTGA	AGCACAGAGT	CACCGTGCGC	GTCTTTTGAT	GCCTCACAAG	CTCGAGGCCT	CCTGTGTCCG	1680
	TGTTAGTGTG	TGTCACGTGC	CTGCTCACAT	CCTGTCTTGG	GGACGCAGGG	GCTTAGCAGG	TCCCGTAGTA	1750
	AATGACAAGC	GTCCTGGGGG	AGTCTGCAGA	ATAGGAGGTG	GGGGTGCCGG	TOTOTOTOCO	GCGTCTTCAG CTGGAGAGGC	1820
	ACTUTTUTCO	TGCCTGTGCT	GTGGCTGCAC	CTGCATCCCT	CCAATCCCTC	CACCACTCCC	CTCCACACCC	1020
30	CCCCCACCTC	CACTCCCACT	TCTCCCTCCT	CIGONICCCI	CCANICCCIC	CHOCHCIGGG	CIGGAGAGGC	1030
50	TC3GGAGCTC	GAGIGCCACI	TGTGCCACGT	GACTGTGGAT	GGCAGTCGGT	CACGGGGGTC	TGATGTGTGG	1960
	TGACTGTGGA	TGGCGGTTGG	TCACAGGGGT	CTGATGTGTG	GTGACTGTGG	ATGGCGGTCG	TGGGGTCTGA	2030
	TGTGGTGACT	GTGGATGGCG	GTCGTGGGGT	CTGATGTGTG	GTGACTGTGG	ATGGCGGTCG	TGGGGTCTGA	2100
	TGTGGTGACT	GTGGATGGCG	GTCGTGGGGT	CTGATGTGGT	GACTGTGGAT	GGCGGTCGTG	GGGTCTGATG	2170
	TGGTGACTGT	GGATGGCAGT	CGTGGGGGTCT	GATGTGTGGT	CACTGTGGAT	CCCCCTCCTC	GGGTCTGATG	2240
35	TOGTGACTGT	CCATCCCACT	COTCCCCTCT	CATCTCTCCT	CACTOTOGAT	CCCCCCCCCC	GGGTCTGATG	2210
	TOUTOACTOI	CECCLECCAGI	COTOGGGTCT	GAIGIGIGGI	GACIGIGGAI	GGCGGICGIG	GGGTCTGATG	2310
	TOTGGTGACT	GTGGATGGCG	GTCGTGGGGT	CTGATGTGTG	GTGACTGTGG	ATGGCGGTCG	TGGGGTCTGA	2380
	TGTGTGGTGA	CTGTGGATGG	CGGTCGTGGG	GTCTGATGTG	GTGACTGTGG	ATGGCGGTCG	TGGGGTCTGA	2450
	TGTGTGGTGA	CTGTGGATGG	TGATCGGTCA	CAGGGGTCTG	ATGTGTGGTG	ACTGTGGATG	GCGGTCGTGG	2520
	GGTCTGATGT	GTGGTGACTG	TGGATGGTGA	TOGGTCACAG	GGGTCTGATG	TGTGGTGACT	GTGGATGGCG	2590
40	GTCGTGGGGT	CTGATGTGTG	GTGACTGTGG	ATGCCCCTTC	GTCCCGGGGG	TOTONTOTOT	GGTGACTGTG	2660
. •	CATGGCGATC	CCTCACACCC	CTCTCATCTC	TCCTC1CTCT	CCAMCCCCC	CCTCCCCCTCT	CAMCACACA	2770
	CACOCCOAIC	CCCCCCCCCC	GICTORIGIG	IGGIGACIGI	GGATGGCGGT	CGIGGGGICI	GATGTGTGGT	2/30
	GACTGTGGAT	GGCGGTCGTG	GGGTCTGATG	TGTGGTGACT	GTGGATGGCG	GTCGTGGGGT	CTGATGTGGT	2800
	GACTGTGGAT	GGCGGTCGTG	GGGTCTGATG	TGGTGACTGT	GGATGGCGGT	CGTGGGGTCT	GATGTGTGGT	2870
	GACTGTGGAT	GGCGGTTGGT	CCCGGGGGTC	TGATGTGTGG	TGACTGTGGA	TGGCGGTCGT	GGGGTCTGAT	2940
45	GTGGTGACTG	TGGATGGCAG	TEGTGGGGTC	TGATGTGTGG	TGACTGTGGA	TEGEGGGTCGT	GGGGTCTGAT	3010
	GTGTGGTGAC	TOTOGATOGO	COTCOTOCOC	TOTONTOTOT	CCTCACTCTC	CITCCCCCTC	GTGGGGTCTG	3000
	ATCTCTCCCC	ACTCTCCATC	CCCCECCECC	CONTOIGI	GGTGACTGTG	CATOGCGGTC	0100001010	3000
	ATGIGIGGIG	ACTOTOGATO	GCGGTCGTGG	GGTCTGATGT	GGTGACTGTG	GATGGCGGTC	GTGGGGTCTG	3150
	ATGTGTGGTG	ACTGTGGATG	GTGATCGGTC	ACAGGGGTCT	GATGTGTGGT	GACTGTGGAT	GGCGGTCGTG	3220
CO	GGGTCTGATG	TGTGGTGACT	GTGGATGGCG	GTCGTGGGGT	CTGATGTGGT	GACTGTGGAT	GGCGGTCGTG	3290
50	GGGTCTGATG	TGTGGTGACT	GTGGATGGCG	GTCGTAGGGT	CTGATGTGTG	GTGACTGTGG	ATGGCAGTCG	3360
	GTCACAGGGG	TCTGATGTGT	GGTGACTGTG	GATGGCGGTC	GTGGGGTCTG	ATGTGTGGTG	ACTGTGGATG	3430
	CCCCTCCTCC	CCTCTCATCT	CTCCTCACTC	TECATECEE	#CC#CCC#C	TC ATCTCTCC	TGACTGTGGA	3500
							TGTGGTAGCT	
55	GCAGGTGGAG	TCCCAGGTGT	GTCTGTAGCT	ACTTTGCGTC	CTCGGCCCCC	CGGCCCCCGT	TTCCCAAACA	3640
23	GAAGCTTCCC	AGGCGCTCTC	TGGGCTTCAT	CCCGCCATCG	GGCTTGGCCG	CAGGTCCACA	CGTCCTGATC	3710
	GGAAGAAACA	AGTGCCCAGC	TCTGGCCGGG	GCAGGCCACA	TTTGTGGCTC	ATGCCCTCTC	CTCTGCCGGC	3780
	AGGTCTCTAC	CTTGACAGAC	CTCCAGCCGT	ACATGCGACA	GTTCGTGGCT	CACCTGCAGG	AGACCAGCCC	3850
	GCTGAGGGAT	CCCCTCCTCA	TCGACCACCT	CTCCCCACTC	CCCTCCACCC	TTCCCCACCC	ACTCCCAGCA	3030
	CTCCCTCCTC	CCCTCCCCAA	TCACCCCC	CIGGGCACIG	CCCIGCAGGG	COCCACGG	COLCUCATOR	3920
60	CINCICCIC	CCCIGGGCAA	TCACTGGGCT	CATGACCGGA	CAGACTGTTG	GCCCTGGGGG	GCAGTGGGG	3990
00	GAATGAGCTG	TGATGGGGGC	ATGATGAGCT	GTGTGCCTTG	GCGAAATCTG	AGCTGGGCCA	TGCCAGGCTG	4060
	CGACAGCTGC	TGCATTCAGG	CACCTGCTCA	CGTTTGACTG	CGCGGCCTCT	CTCCAGTTCC	GCAGTGCCTT	4130
	TGTTCATGAT	TTGCTAAATG	TCTTCTCTGC	CAGTTTTGAT	CTTGAGGCCA	AAGGAAAGGT	GTCCCCCTCC	4200
	TTTAGGAGGG	CAGGCCATGT	TTGAGCCGTG	TECTGECCAG	CTGGCCCCTC	ACTGCTGGGT	CTCACCCCAA	4270
	AGGAAACGTC	TOCCOUTTOT	TAGGAGGAGG	CCCCCTCTTT	CACCCACCCC	CCCCTCTCCCC	CTGAGGCCAA GGCCTCTCAG	4340
65	TCCTCCCTC	CTCCTCTTCT	CCCTCTCCCC	COCCOIGIT	CACCACCC	CLOCIGAGCG	GOCCICICAG	4340
05	TCCIGOGICI	GICCACGIGG	CCCIGIGGCC	CITTGCAGAT	GIGGICIGIC	CACGTGGCCC	TGTGGCTCTT	4410
	TGCAGATGCC	TGTTAGCACT	TGCTCGGCTC	TAGGGGACAG	TCGTGTCCAC	CGCATGAGGC	TCAGAGACCT	4480
	CTGGGCGAAT	TTCCTTGGCT	CCCAGGGTGG	GGGTGGAGGT	GGCCTGGGCT	GCTGGGACCC	AGACCCTGTG	4550
	CCCGGCAGCT	GGGCAGCAAC	TCCTGGATCA	CATATGCCAT	CCGGGCCACG	GTGGGCTGTG	TGGGTGTGAG	4620
	CCCAGCTGGA	CCCACAGGTG	GCCCAGAGGA	GACGTTCTGT	GTCACACACT	CTGCCTAAGC	CCATGTGTGT	4690
70	CTGCAGAGAC	TOGGCCCGGC	CAGCCCACCA	TOCCCCTCCA	TTCCAGCCCA	CCCCCCCCCCC	TCATCACAAA	4760
. •	CACTCACCCC	12000000000000000000000000000000000000	CACCCTCTTC	CCCRCCTGCA	CONCOCCCA	BCACCACACI	COCCOMO	4030
	CUCTOWCCCC	ANANGUGACG	GAGGGICTTG	GCCACGTGGT	CCTGCCTGTC	TCAGCACCCA	CCGGCTCACT	4830
	CCCATGTGTC	TCCCGTCTGC	TTTCGCAGAG	CTCCTCCCTG	AATGAGGCCA	GCAGTGGCCT	CTTCGACGTC	4900
	TTCCTACGCT	TCATGTGCCA	CCACGCCGTG	- CGCATCAGGG	GCAAGTGAGT	CAGGTGGCCA	GGTGCCATTG	4970
	CCCTGCGGGT	GGCTGGGCGG	GCTGGCAGGG	CTTCTGCTCA	CCTCTCTCCT	GCCCCTTCCC	CACTGNCCTT	5040

CTGCCCGGGG CCACCAGAGT CTCCTTTTCT GGCCCCGCC CCCTCCGGCT CCTGGGCTGC AGGCTCCCGA 5110
GGCCCCGGAA ACATGGCTCG GCTTGCGGCA GCCGGAGCGG AGCAGGTGCC ACACGAGGCC TGGAAATGGC 5180
AAGCGGGGTG TGGAGTTGCT CCTGCGTGGA GGACGAGGGG CGGGGGTGT GTCTGGGTCA GCTGTGCGCCC 5250
GAGCTTTGA GCCTGCAGCT TGTCAGCTCC AAGTTACTAC TCACGCTGGA CACCCGGCTT TCACACGCTT 5320
GTATCTCTCT CTCCCGATAC AAAAGGATTT TATCCGATTC TCATTCCTGT CCCTTGCTGT TGACCCCCG 5390 5 GAGGGCGCGG GCTCTTCTCT CTGTGACTAG ATTTCCCATC TGGAAACTGC GGGGTTGACC GTGTAGTTTG 5460
CTCCTCTCGG GGGGCCTGTG GTGGCCATGG GGCAGGCGGC CTGGGAAGAC TGCCGTCACA CAGCCACTGG 5530
GTGAGCCCACA CTCACGGTGG TAGAGCCACA GTGCCTGGTG CCACATCACG TCCTCTGGAT TTTAAGTAAA 5600 ACCACACAC TCCCGGCAGG CATCTGCCTG CGACCCTGTG TGTGCCTGGG GAGAGTGGTA GCACGGAGGA 5670
AATTCGTGCA CACTCAAGGT CATCAGCAAG GTCATCCGCA GTCAGGTGGA ACGTGGAGGC CTCTCTCTGG 5740
GATCGTCTCC AGCGGATAAA GGACTGTGCA CAGCTTCGGA AGCTTTATT TAAAAATATA ACTATTAATT 5810 10 GATCHCHC AGGGGATAAA GGACTGTGCA CAGCTTCGGA AGCTTTTATT TAAAAATATA ACTATTAATT 5810
ATTGCATTAT AAGTATAATCA TAATGGTATC AGCAATTATA ATATTTATTA AAGTATAATT AGAAATATTA 5880
AGTAGTACAC ACGTTCTGGA AAAACACAAA TTGCACATGG CAGCAGAGTG AATTTTGGCC GAGGGACACG 5950
TGTGCACATG TGTGTAAGCG GCCCCCAGGC CCACAGAATT CGCTGACAAA GTCACCTCCC CAGAGAAGCC 6020
ACCACCAGGGC TCCTTCGTGG TGGTGAATTT TATTAAGATG GATCAAGTCA CGTACCGTCC ACGTGTGGCA 6090
GGGCTTTGGG GAATGTGAGG TGATGACTGC GTCCTCATCC CCTGACAGAC AGGAGGTGAC TGTGTCTCTC 6160
CTGTCCCTAG GACACGGACA GGCCCCGAAGC TCTAGTCCCC ATCGTGGTCC AGTTTGGCCT CTGAATAAAA 6230 15 20 25 GGGCAAGGTT GTATCCGTTG GGGCGCAGCG GCTACATGTA GGGTCATGAG TCTTTCACCG TGGACAAATT 7070
CCTTGAAAAA AAAAAAAAGGA GTCCGGTTAA GCATTCATTC CGGGTCAAGT GTCTGGTTCT GTGAATAAAC 7140
CCTAAGATTT AAGAAACCTT AATGAAAGAA AACCTTGATG ATTCAGAGCA AGGATGTGGT CACACCTGTG 7210
GCTGGATCTG TTTCAGCCGC CCCAGTGCAT GGTGAGAGTG GGGAGCAGGG ATTGTTTGTT CAGAGGTCTC 7280
ATCTGGTATG TTTCTGAGGT GTTTGCCGGC TGAATGGTAG AGGTGTGTT TGTGTGTATG AGGTTCTGTG 7350
TCTGTGTGTG GCTCGGTTTG AGTGTACGCA TGTCCAGCAC ATGCCCTGCC CGTCTCTCAC CTGTGTCTTC 7420
CCGCCCCAGG TCCTACGTCC AGTGCCAGG GATCCCGCAG GGCTCCATCC TCTCCACGGT GCTCTGCAGC 7490
CTGTGCTACG GCGACATGGA GAACAAGCTG TTTGCGGGGA TTCGGCGGGA CGGGTGAGCC CTCCTCTTCC 7550
CCAGGGGGGC TTGGGTGGGG GTTGATTGC TTTTGATGCA TTCAGTGTTA ATATTCCTGG TGCTTGGAG 7630
ACCATCACTG CTCTGTCTTG AGGAACCAGA CAAGGTTGCA GCCCCTTCTT GGTATGAAGC CGCACGGGGA 7700 30 35 ACCATGACTG CTCTGTCTTG AGGAACCAGA CAAGGTTGCA GCCCCTTCTT GGTATGAAGC CGCACGGGAG
GGGTTGCACA GCCTGAGGAC TGCGGGCTC ACGCAGGCTC TGTCCAGCGG CCATGTCCAG AGGCCTCAGG
GCTCAGCAGG CGGGAGGGCC GCTGCCCTGC ATGATGAGCA TGTGAATTCA ACACCGAGGA AGCACACCAG 7770 40 7840 CTTCTGTCAC GTCACCCAGG TTCCGTTAGG GTCCTTGGGA GAGTAGGGCT GAGGCCCCAC 7910
ATCTCCCAGC AGGCCCTCGA CAGGTGGCCT GGACTGGGG CCTCTTCAGC CCATTGCCCA TCCCACTTGC 7980
ATGGGGTCTA CACCCAAGGA CGCACACAC TAAATATCGT GCCAACCTAA TGTGGTTCAA CTCAGCTGGC 8050
TTTTATTGAC AGGAGTTACT TITTTTTTT TAATACTTTA ACTTCTAGGT TACATGTGCA CGACGTGGA 8120
GTTAGTTACA TATGTATACA TGTGCCATGT TGGTGTGCTG CACCCATTAA CTCATCATTT ACATTAGGTA 8190 45 CTGTGTCCAA GTGTTCTCAT TGTTCAGTTC CCACCTGTGA GTGAGAACAT GTGGTGTTTG GTTTTCTTTC 8330 CTTGCAATAG TTTGCTCAGA GTGATGGTTT CCAGCTTCGT CCATGTCCCT ACAAAGGACA TGAACTCATC 8400 CTTTTTTATG ACTGCATAGT ATTCCGTGGT GTATATGTGC CACATTTTCT TAATCCAGTC TATCATCCAT 8470
GGACATTTGG GTTGGTTGCA AGTCTTTGCT ACTGTGAATA GTGCCGCAAT AAACATACGT GTGCATGTGT 8540
CTTTATAGCA GCATGATTTA TAATCCTTTG GGTATATACC CAGTAATGGG ATGGCTGGGT CAAATGGTAT 8610 50 TTCTAGTTCT AGATCCTTGA GGAATCACCA CACTGTCTTC CACAATGGTT GAACTAGTTT ACACTCCCAC 8680 CAACAGTOTA AAAGTOTTCT GGTGCTGGAG AGGATGTGGA CAGCAGTTAT TTTTTTATGA AAATAGTATC 8750 ACTGAACAAG CAGACAGTTA GTGAAGGATG CGTCAGGAAG CCTGCAGGCC ACACAGCCAT TTCTCTCGAA 8820 55 60 65 70 GCTGAGTGAG CTGGCCCACA CCGTTCGCTG CGGTCACGTT CCTGCGTGGG GTTGTTTGGG ATCGGTGGGA GAATTTGGAT TTGCTGAGTG CTGCTGTCTT GAACCACGGA GATGGCTAGG AGTGGGTTTC AGAGTTGATT 10080 10150 TTTGTGAATC AAACTAAAAT CAGGCACAGG GGACCTGGCC TCAGCACAGG GGATTGTCCA ATGTGGTCCC 10220 75 CCTCAAGGGC GCCCCACAGA GCCGGTGGGC TTGTTTTAAA GTGCGATTTG ACGAGGGACG AGAAACCTTG 10290 AAAGCTGTAA AGGGAACCCT CAGAAAATGT GGCCGCCAGG GGTGGTTTCA GGTGCTTTGC TGGGCTGTGT 10360 TTGTGAAAAC CCATTTGGAC CCGCCCTCCA AGTCCACCCT CCAGGTCCAC CCTCCAGGGC CGCCCTGGGC 10430

TGGGGGTATG CCTGGCGTTC CTTGTGCCGC AGCCCGGAGC ACAGCAGGCT GTGCACATTT AAATCCACTA 10500 AGATTCACTC GGGGGAGCC CAGGTCCCAA GCAACTGAGGG GCTCAGGAGT CCTGAGGCTG CTGAGGGGAC 10570 AGAGCAGAGC GGGAACGCTG CTTCTGTGTC GCAAGTTCCT GAGGGTGCTG GCCAGGGAGG TGGCTCAGAG 10640 AGAGCAGACG GGGAACGCTG CTTCTGTGTG GCAAGTTCCT GAGGGTGCTG GCCAGGGAGG TGGCTCAGAG 10640
TGTATGTTGG GGTCCCACCG GGGGCAGAAC TCTGTCTCTG ATGAGTCGGC AGCCATGTAA CAGGAAGGGG 10710
TGGCCACACAGG GAGCTGGGAA TGCACCAGGG GAGCTGCCCA GCTCGCCGAG GTCCCCAGGC CAGGCCACAG 10780
GAAGGCCAGG GGGACGCCCG GGGCCACAGG AGAGGCCCCA GGAAGGGCACC GGCCACAGG GGGCACCCC GGCCCACAGG GGCCACAGG GGCACCCCC GGCCCAGAGC AGAGCCCCC AGCCCACAGC CCACCCAGGT CCCCGCCCT AGCCAGAGCAC 10990
CAGAACCCTC CCCTTTGTCT AAAGCACAGC AGATGCCTTC AGGGCATCTA GGAGAAAACA GGCAAAAGTCG 11060
TTGAGGAAACC TCTTAAAAGA AGGTGGGAT GTGGCAATTT CTTGTCCAGA TTTTAGTCTG CCCCGGACCA 11130
CAGATGAGTC TATAACGGGA TTGTGGTGTT GCCATGGGGA CACATGAGAT GGACCATCAC AGAGGCCACT 11270
GTCCTGCCCC GGGACAAGGC AAAGCCCCC GAAGCTCTGCAGGCC CTCCAGGCCT CTCAGAGCCC CTCACAGGCCC TTCACAGCCT CTCACAGCCT CTCACACCT CTCACAGCCT CTCACACCT CT 5 10 GTCCTGCCCG GGAGACAGGG AAAGCACCCC GAAGTCTGGA GCAGGGCTG GTCCAGGGCTC CTCAGAGCTC 11340 CTGCCAGGCC CAGCACCCTG CTCCAAATCA CCACTTCTCT GGGGTTTTCC AAAGCATTTA ACAAGGGTGT 11410 CAGGTTACCT CCTGGGTGAC GGCCCCGCAT CCTGGGGCTG ACATTGCCCC TCTGCCTTAG GACCCTGGTC 11480 15 CGAGGTGTCC CTGAGTATGG CTGCGTGGTG AACTTGCGGA AGACAGTGGT GAACTTCCCT GTAGAAGACG 11550
AGGCCCTGGG TGGCACGGCT TTTGTTCAGA TGCCGGCCCA CGGCCTATTC CCCTGGTGCG GCCTGCTGCT 11620
GGATACCCGG ACCCTGGAGG TGCAGAGCGA CTACTCCAGG TGAGCGCACC TGGCCGGAAG TGGAGCCTGT 11690 20 25 30 CTGCACTCCA GCCTGGGGAA CAGAGTGAGA CTTCATCTTA AAAAAAAAA AAAAGTATC AGCATTCCAA 12670
AACCATAGTG GACAGGTGTT TTTTTATTCT GTCCTTCGAT AATATTTACT GGTGCTGTGC TAGAGGCCGG 12740
AACTGGGGGT GCCTTCCTCT GAAAGGCACA CCTTCATGGG AAGAGAAATA AGTGGTGAAT GGTTGTTAAA 12810
CCAGAGGTTT AAACTGGGGT CCTGTCGTTC TGAGTTAACA GTCCAGATCT GGACTTTGCC TCTTTCCAGA 12880
ATGCTCCCTG GGGTTTGCTT CATGGGGGAG CAGCAGGTGT GGACACCCCT GTCATGGGGG AGCAGCAGGT 12950
GCAGAGCGCCC TCATGATGGG GGAGTGGCAG GTGCAGACAC CCTTGTGCAT GGTGCCCAGC ATGCCCTGT 13020
TACCTGGTCC TCCCCACAAG GATGCCGGGT TCCTGTGCCT CCCACAGTCC CTGCTTCCCT CTCACAGCCT 13090
TACCTGGTCC TGGCCTCCAC TGGCTTTGTC TGCATGATTT CCACATTTCC TGGGCTCCCA GCACCTCTTC 13160
GCCCCATGAAA TGTATTTTTT AGGACAGCGC CATACCAGTC AGCCCTCTGC CACACTCC TTATTTTGCT 12300 35 40 CCCCATGAAA TGTATTTTTT AGGACAGGCA CCCCTGGTTC CAGCCTCTGG CACAGCATCA GTGAATGTTA 13300
TTGAAGGACA AAGGACAGAC AAACAAATCA GGAAAATGGG TTCTCTCTAA ACACATTGCA AAGCCACAGA 13370
GGCTAGTGCA GGATGGGTGG GCATCAGGTC ATCAGATGTG GGTCCAATGC CAGAATATTC TGTGCTCCCA 13440 AAGGCCACTT GGTCAGAGTG TGTGCTTGCA GAGGTGGCTC TAAAAGCTCA GCAGTGGAGG CAGTGGTTCG 13510 CCATACTCAG GGTGAACTCA CATCCTCTGT GTCTGAAGTA TACAGCAGAG GCTTGAAGGG CATCTGGGAG 13580 AAGAAAACAG GCAAAATGAT TAAGAAAAGT GAAAAAGGAA AAGTGGTAAG ATGGGAATTT TCTTGTCCAG 13650 45 ATTTTAGTCT CCCAAACCAC AGCTCAGATG GTAGAATGTG GTCAGAACTG ATGGACAGAA CAATAGAACA 13720
AAACGGAAGC CCTATCTCTC AGAAACGTGT GTTAATGTGG TATCTGGCAC AGCTGATGGA AAAGAGAGTG 13790
TGTGTGTAAT TTTTTTTCT GAGAAAACTG ACTGGAAGCA AATAAGTTGT GTCTTTACAG CATATACCAG 13860 50 AGCAGATTCT AGGTAGAAGA GGAGACACAT GCAAACAACA CCAGCAACAG AAATAAACA AAAGACTCAA 13930 AGGGAAGGGA GGTGAACGTT CCCTGGTTTG GTGTTGGGGA AGGACACACA GGGAGGGGA TGAAACCACT 14000
GAGGCAAGGG GCATTGCTTT CACTGCAGAG AAACTAGACT GAGCACACACA GGGAGGCGGA TGAAACCACT 14000
CTGGAGCGTT TGTGCACGTG ATTTATTAA GGCCGCCCTTG GAGGTCCTGC ACATTCATCT TCTCACTTTG 14140
TTCTCCTAAC CACCTGACAG GTAGAGGAGG AAAGGCTCCA GGGAGGCACC CGCCCTTGGT CACCCAGCTG 14210
GCAAAGGGCA TGCATGATTG CAGCCTGGCC TCCTGCTCCG GGGCCCTTCC TCTGCCCGAG GACCCCCACAC 14280 55 AAGTCAGACC CATAGGCTCA GGGTGAGCCC GAGCCCAAGG TCGTGTTGGG GATGGCTGTG AAAGAAGAAA 14350
TGGACGTCTG ATGCACACTT GGGAAGGTCC TACCAGCAGC GTCAAAGAAA TGCATGTGAA ACTGACAGCG 14420
AGACCCATCC CTCAAAGAAA CGCACGTGAA ACTGATGGCG AGACCTGTCC CCATCCCTCA TGCTGGCTCC 14490 TTTTCTGGGC TTGCCAAGAG CCAGCATCAG GTTGAGGCAA GCTGGAAAGA CTTTTCTGGA AAGCAGCTTG 14560 TTTGCATGGA AGTCCTCACA ATGTCCTGTG TCTTCCCAGT AATTCCACTT CTGAAGTGAC CAGACATTAT 14630 CACGGGTCTT ATTTACCATT TCCAGTGTTC CAGGCAGGGG GACTTGCCAC AGCAAGTCAC GAACCTGCCC 14700 60 AAATACAGGG CTAAGGAGAT ATTATGCATC ACAAAACTTG CTCTGCCATT AAACATTTT CAAAGAATTT 14770
TTGAAGAATT TTTTAATGGCA CAAAAACGTT ATTTCAATGT AGCAGTGTC AAAGCTTGAT GTAAAAGAAC 14840
ACACCCAGG AGCCTGCCGT GAATGCATC TGTGTTCATC TTTGGACATG GACATACATG GGCAGTGAGT 14910
GGTGGTGAGG CCCTGGAGGA CATCGGTGGG ATGCCTCCAT CCTGCCCTT TGGAGACAC ATGTGTGCCA 14980
CGTGGATCAC CTGGAGCCCT GTTTAGCTGG TGCCACCTGG CTCTTCCATC CCTGAGATTC AAACACAGTG 15050 65 AGATTCCCCA CGCCCAACTC AGTGTTCTCC CACAAAAAAC CTGAGTCACA CCTGTGTTCA CTCGAGGGAC 15120 GCCCGGGAGC CAGGGCTCCA CAGTTTATTA TGTGTTTTTTG GCTGAGTTAT GTGCAGATCT CATCAGGGCA 15190 GATGATGAGT GCACAAACAC GGCCGTGCGA GGTTTGGATA CACTCAACAT CACTAGCCAG GTCCTGGTGG 70 AGTTTGGTCA TGCAGAGTCT GGATGCCATG TAGCATTTGG AGTCCATGGA GTGAGCACCC AGCCCCCTCG 15330
GGCTGCAGGG CATGCCCCAG GCAGGACAAG GAAGCGGGAG GAAGGCAGGA GGCTCTTTGG AGCAAGCTTT 15400 GCAGGAGGGG GCTGGGTGTG GGGCAGGCAC CTGTGTCTGA CATTCCCCCC TGTGTCTCAG CTATGCCCGG 15470
ACCTCCATCA GAGCCAGTCT CACCTTCAAC CGCGGCTTCA AGGCTGGGAG GAACATGCGT CGCAAACTCT 15540 TTGGGGTCTT GCGGCTGAAG TGTCACAGCC TGTTTCTGGA TTTGCAGGTG AGCAGGCTGA TGGTCAGCAC 15610 75 AGACTTCAGA GTTCAGGAGG TGTGTGCGCA AGTATGTGTG TGTGTGTGTG CGCGCGTGCC TGCAAGGCTG 15680
ATGGTGACTG GCTGCACGTA AGAGTGCACA TGTACGCATA TACACGTGAG CACATACATG TGTGCATGTG 15750
TGTACATGAA GGCATGGCAG TGTGTGCACA GGTGTGCAAG GGCACAAGTG TGTGCACATG CGAATGCACA 15820

5 10 15 20 AGTCAGGGCA GGTGGTGGCA CAAGCCTCGG GGCTGTACCA AAGGGCAGTC GGGCACCACA GGCCCGGGCC 17220
TCCACCTCAA CAGGCCTCCC GAGCCACTGG GACCTGAATG CCAGGAGGCC GAAGCCCTCG CCCCATGAGG 17290
GCTGAGAAGG AGTGTGAGCA TTTGTGTTAC CCAGGGCGGA GGCTGCGGGA ATTACCGTGC ACACTTGATG 17360
TGAAATGAGG TCGTCGTCA TCGTGGAAC CCAGCCAGGG CCACGGGGA AGTTTTCCAT TACAAGGTCG 17430
TACCATGAAA ATGGTTTTTA ACCCGAGTGC TTGGGCCTTC ATGGTCTTGGC AGGGGGGA GAGCCACAGC 17500
TGCATGTTAC CGCCTTTGCA CCAGGTCGAG AGGCTTGGGA CCAGGCTGCT TCAGGTCCG GGTGCGTCCG 17570
GCTCAGACCG CCCTCCTC TGCCTTCTC CTCTGCCTCA AATCTTCCCT CGTTTGCATC TCCCTGACGC 17640
GTGCCTGGGC CCTCGTGCAA GCTGCTTGC TCCTTTCCGG AAACCCTTGG GGTGCTGCTG T7710
CACTGAGGAC TGGAGGTGTC TGACACTGTG GTTGACCCCA GGGTCCAGCT GGCGTCCTT 17780
GGGCCATGAT GAGGTCAGAG GAGTTTTCCC AGGTGAAAAC TCCCCAGGGC CATGTGACCT 17850 25 GGGCCATGAT GAGGTCAGAG GAGTTTTCCC AGGTGAAAAC TCCTGGGAAA CTCCCAGGGC CATGTGACCT 17850
GCCACCTGCT CCTCCCATAT TCAGCTCAGT CTTGTCCTCA TTTCCCCACC AGGGTCTCTA GCTCCGAGGA 17920
GCTCCCGTAG AGGGCCTGGG CTCAGGGCAG GGCGGCTGAG TTTCCCCACC CATGTGGGGA CCCTTGGGTA 17990 30 GTCGCTTGAT TGGGTAGCCC TGAGGAGGCC GAGATGCGAT GGGCCACGGG CCGTTTCCAA ACACAGAGTC 18060
AGGCACGTGG AAGGCCCAGG AATCCCCTTC CCTCGAGGCA GGAGTGGGAG AACGGAGAGC TGGGCCCCGA 18130
TTTCACGGCA GCCAGGCTGC AGTGGGCGAG GCTGTGGTGG TCCACGTGGC GCTGGGGGCG GGGTCTGATT 18200 35 CARATCCGCT GGGGCTCGGC CTTCCTGGCC CGTGCTGGCC GCGCCTCCAC ACGGGCTTGG GGTGGACGCC 18270 CCGACCTCTA GCAGGTGGCT ATTTCTCCCT TTGGAAGAGA GCCCCTCACC CATGCTAGGT GTTTCCCTCC 18340 TGGGTCAGGA GCGTGGCCGT GTGGCAACCC CGGGACCTTA GGCTTATTTA TTTGTTTAAA AACATTCTGG 18410 TGGGTCAGGA GCGTGGCCGT GTGGCAACCC CGGGACCTTA GCCTTATTTA TTTGTTTAAA AACATTCTGG 18410
GCCTGGCTTC CGTTGTTGCT AAATGGGGAA AAGACATCCC ACCTCAGCAG AGTTACTGAG AGGCTGAAAC 18480
CGGGGTGCTG GCTTGACTGG TGTGATCTCA GGTCATTCCA GAACTGGCTC AGGAAGTCAG TGAGACCAGG 18550
TACATGGGGG GCTCAGGCAG TGGGTGAGAT GAGGTACACG GGGGGCTCAG GCAGTGGGTG AGGCCAGGTA 18620
CATGGGGGGC TCAGGCACTG GGTGAGATGA GGTACACGGG GGGCTCAGC AGAGGGTCAG ACCAGGTACA 18690
CGGGGGCCTCT GATCACACGC ACATATGAGC ACATGTGCAC ATGTGCTGTT TCATGGTAGC CAGGCTTGG 18830
CACACCTGCC CCAAAGTCCC AGGAACCTGA GAGGCCAAAG ATGGAGGCTG ACAGGGCTGG CGCGGTGGCT 18830
CACACCTGTA GTCCCAGCAC TTTGGGAGGC CGAGGCGAGA GGATCCCTTG AGCCCAGGAG TTTAAGACCA 18900
GCCTGAGCAA CATAGTAGAA CCCCACTCTT ATGAAAAATA AAAACAAAAA TTAGCTGAAC ATGGTGGTGT 18970
GCGCCTGTAG TTCCAATACT TGGGAGGCTG AACTGGGGGG TACATGTAG ACAGGGTGGA GGAGCTGCA 18940 40 45 GCGCCTGTAG TTCCAATACT TGGGAGGCTG AAGTGGGAGG ATCACTTGAG CCCAGGAGGT GGAAGCTGCA 19040 GTGAGCTGAG ATTGCACCAC TGTACTGCAG CCTGGGTGAC AGAGTGAGAG CCCATCTCAA CAACAACAAA 19110 GAAGACTGAC AAATGCAGTT TCTTGGAAAG AAACATTTAG TAGGAACTTA ACCTACACAC AGAAGCCAAG 19180 TCGGTGTCTC GGTGTCAGTG AGATGAGATG ATGGGTCCTC ACACCATCAC CCCAGACCCA GGGTTTATGC 19250 ACCACAGGGG CGGGTGGCTC AGAAGGGATG CGCAGGACGT TGATATACGA TGACATCAAG GTTGTCTGAC 19320 GAAGGGCAGG ATTCATGATA AGTACCTGCT GGTACACAAG GAACAATGGA TAAACTGGAA ACCTTAGAGG 19390 50 CCTTCCCGGA ACAGGGGCTA ATCAGAAGCC AGCATGGGGG GCTGGCATCC AGGATGGAG TGCTTCAGCC 19460
TCCACATGCG TGTTCATACA GATGGTGCAC AGAAACGCAG TGTACCTGTG CACACAGAG CACGCAGCTA 19530
CTCGCACACA CAAGCACACA CACACACAT CATGCATGCA TCCGTGTGTG TGCACCTGTG CCCATGAGGA 19600
AACCCATGCA TGTGCATTCA TGCACGCAC CAGGCACCG TGGGCCCATG CCCACACCCA CGAGCACCGT 19670
CTGATTAGGA GGCCTTTCCT CTGACGCTTC CCGCATCCTC TCAGGGTTTC AGCCATGTTG GCTCAGCTC 19740
CCATTTCATC AGCAAGTTTG GAAGAACCCC ACATTTTTCC TGCGGCTCAT CTCTGACACG CCCTCCTCT 19810 55 60 65 70 AGGCCACGGA GCCTGGCAGG GTCCCCAACT TCTTGAACCC CTGCTTCCCA TCTCAGGGGC GATGGCTCCC 21000 CACGCTTGGG AGCCTTCTGA CCCCTGACCT GTGTCCTCTC ACAGCCTCTT CCCTGGCTGC TGCCCTGAGC 21070 TCCTGGGGTC CTGAGCAAGT TCTCTCCCCG CCCCGCCGCT CCAGCGTCAC TGGGCTGCCT GTCTGCTCGC 21140 75 CCCGGTGGAG GGGTGTCTGT CCCTTCACTG AGGTTCCCAC CAGCCAGGGC CACGAGGTGC AGGCCCTGCC 21210

TGCCCGGCCA CCCACACGTC CTAGGAGGGT TGGAGGATGC CACCTCTGGC CTCTTCTGGA ACGGAGTCTG 21280 CGCAGCCCAG ACGCAGCTGA GTCGGAAGCT CCCGGGGACG ACGCTGACTG CCCTGGAGGC 21350 CGCAGCCAAC CCGGCACTGC CCTCAGACTT CAAGACCATC CTGGACTGAT GGCCACCCGC CCACAGCCAG 21420 GCCGAGAGCA GACACCAGCA GCCCTGTCAC GCCGGGCTCT ACGTCCCAGG GAGGGAGGGG CGGCCCACAC 21490 5 CCAGGCCCGC ACCGCTGGGA GTCTGAGGCC TGAGTGAGTG TTTGGCCGAG GCCTGCATGT CCGGCTGAAG 21560 GCTGAGTGTC CGGCTGAGGC CTGAGCGAGT GTCCAGCCAA GGGCTGAGTG TCCAGCACAC CTGCCGTCTT 21630 CACTTCCCCA CAGGCTGGCG CTCGGCTCCA CCCCAGGGCC AGCTTTTCCT CACCAGGAGC CCGGCTTCCA 21700 CTCCCCACAT AGGAATAGTC CATCCCCAGA TTCGCCATTG TTCACCCCTC GCCCTGCCCT CCTTTGCCTT 21770 CCACCCCAC CATCCAGGTG GAGACCCTGA GAAGGACCCT GGGAGCTCTG GGAATTIGGA GTGACCAAAG 21840 10 GTGTGCCCTG TACACAGGCG AGGACCCTGC ACCTGGATGG GGGTCCCTGT GGGTCAAATT GGGGGGAGGT 21910 GCTGTGGGAG TAAAATACTG AATATATGAG TTTTTCAGTT TTGAAAAAA TCTCATGTTT GAATCCTAAT 21980 GTGCACTGCA TAGACACCAC TGTATGCAAT TACAGAAGCC TGTGAGTGAA CGGGGTGGTG GTCAGTGCGG 22050 GCCCATGGCC TGGCTGTGCA TTTACGGAAG TCTATGAGTG AATGGGGTTG TGGTCAGTGC GGGCCCATGG 22120 CCTGGCTGGG CCTGGGAGGT TTCTGATGCT GTGAGGCAGG AGGGGAAGGA GGGTAGGGGA TAGACAGTGG 22190 15 GAGCCCCCAC CCTGGAAGAC ATAACAGTAA GTCCAGGCCC GAAGGGCAGC AGGGATGCTG GGGGCCCAGC TTGGGCGGCG GGGATGATGG AGGGCCTGGC CAGGGTGGCA GGGATGATGG GGGCCCCAGC TGGGGTGGCA 22330 GGGGTGATGG GGGGGGCTGG TCTGGGTGGC GGGGAAGCCTG GCTGGGCCCC CTCCTCCCCT 22400 GCCTCCCACC TGCAGCCGTG GATCCGGATG TGCTTCCCTG GTGCACATCC TCTGGGCCAT CAGCTTTCAT 22470 TGACACCATC CTGTATAAAA TCCAGGATTC GGAGGTGGGG GGCAGGGGCA CTCCTCCTGA ACGCCCCAAC 20 TCAGGTTGAA AGTCACATTC CGCCTCTGGC CATTCTCTTA AGAGTAGACC AGGATTCTGA TCTCTGAAGG 22610 GTGGGTAGGG TGGGGCAGTG GAGGGTGTGG ACACAGGAGG CTTCAGGGTG **GGGCTGGTGA** TGCTCTCTCA TCCTCTTATC ATCTCCCAGT CTCATCTCTC ATCCTCTTAT CATCTCCCAG TCTCATCTGT CTTCCTCTTA 22750 TCCTCTTACC ATCTCCCAGT CTCATCTCTT ATCCTCTTAT CTCCTAGTCT 22820 CATCCAGACT TACCTCCCAG GGCGGGTGCC AGGCTCGCAG TGGAGCTGGA CATACGTCCT TCCTCAGGCA 22890 25 GAAGGAACTG GAAGGATTGC AGAGAACAGG AGGGGCGGCT CAGAGGGACG CAGTCTTGGG GTGAAGAAAC 22960 CTTGGGCCAC ACGAAACCGA GGGCCCTGCG TGAGTGGCTC CAGAGCCTTC 23030 AGCCCCTCCT CAGAAGTTGG TACTGAGTGC ACCTTGGACA GGGCTTCTGG 23100 CTTATGGCCA CTGGATATGG CGTCATTTAT 23170 CAGCAGGTCC CTGGTGGGGC CTTATGGTAT GGCCGGGTCC TTTGAGTGCA GCCCGGACGT GCCTGGTGTC GGGGTGGGGG TGCTGCTGCT TCAGAGAATG TCTGAGTGAC CGAGCCTAAT GTGTATGGTG GGCCCAAGTC CACAGACTGT 30 GTCGTARATG CACTCTGGTG CCTGGAGCCC CCGTATAGGA GCTGTGAGGA AGGAGGGGCT CTTGGCAGCC 23310 GGCCTGGGGG CGCCTTTGCC CTGCAAACTG GAAGGGAGCG GCCCCGGGCG CCGTGGGCGG ACGACCTCAA 23380 GTGAGAGGTT GGACAGAACA GGGCGGGGAC TTCCCAGGAG CAGAGGCCGC TGCTCAGGCA CACCTGGGTT TGAATCACAG ACCAACAGGT CAGGCCATTG TTCAGCTATC CATCTTCTAC AAAGCTCCAG ATTCCTGTTT 23520 CTCCGGGTGT AATTTTACTC TTTTTGTTGA AGGATTACTT ATATTTTTTG CTAAAGTATT AGACCCTTAA 23590 35 AAAAGGTATT TGCTTTGATA TGGCTTAACT CACTAAGCAC CTACTTTATT TATTTATTAT 23660 TGTCTGTTTT TATTATTATT ATTAGAGATG GTGTCTACTC TGTCACCCAG GTTGTTAGTG CAGTGGCACA GTCATGGCTC 23730 GCTGTAGCCG CAAACCCCCA GGCTCAAGTG ATCCTCCGGC CTCAGCTTCC CAGAGTGCTG GGATTACAGG 23800 TGTGAGCCAC TGCCCTTGCC TGGCACTTTT AAAAACCACT ATGTAAGGTC AGGTCCAGTG CTGTCATCCC AGTAGTTTGG GAAGCCGAGG CAGAAGGATT GTCTGAGGCC AGGAGTTTGA GACCAGCATG 23940 40 AAATGCAAAA AGTTATCCGG GGTAACATAG GGAGACCCCA TCTCTACAAA GCGTGGGGTC CAGCATCTGT 24010 AGTCCCAGCT GCTCGGGAGG CTGAGTGGGA GGATCGCTTG AGCCCGGGAG GTCATGGCTG CAGTGAGCTG 24080 AAGGAGGCCT GCTAGGTGCT AGGTAGACTG TCAAATCTCA GAGCAAAATG AAAATAACAA AGTTTTAAAG 24290 45 GGAAAGAAAA ACCCCAGCTC TTTGGACTTC CTTAGGCCTG AACTTCATCT CAAGCAGCTT CCTTCCACAG 24360 ACAAGCGTGT ATGGAGCGAG TGAGTTCAAA GCAGAAAGGG AGGAGAAGCA GGCAAGGGTG GAGGCTGTGG GTGACACCAG CCAGGACCCC TGAAAGGGAG TGGTTGTTTT CCTGCCTCAG CCCCACGCTC CTGCCGGTCC 24500 TGCACCTGCT GTAACCGTCG ATGTTGGTGC CAGGTGCCCA CCTGGGAAGG ATGCTGTGCA GGGGGCTTGC 24570 CAAACTTTGG TGGGTTTCAG AAGCCCCAGG CACTTGTGGC AGGCACAATT ACAGCCCCTC CCCAAAGATG 24640 50 CCCACGTCCT TCTCCTGGAA CCTGTGAATG TGTCACCCGC AAGGCAGAGG CTGGTGAAGG CTGCAGGTGG AATCACGGCT GCCAGTCAGC CGATCTTAAG GTCATCCTGG ATTATCTGGT GGGCCTGATA TGGCCACAAG 24780 GGTCCCTAGA AGTGAGAGAG GGAGGCAGGG GAGAGTCAGA GAGGGGACGT GAGAAGGACC ACTGGCCACT 24850 GCTGGCTTTG AGATGGAGGA GGGGGTCCCC AGCCAAGGAA TGGGGGCAGC CGCTCCATGC TGGAAAAGCA 24920 AGCAATCCTC CCCGGTCCTG AGGGCACACG GCCCTGCCCA CGCCTCGATT TCAGGCCAGT GGGACCTGTT 24990 TCAGCTTTCC GGCCTCCAGA GCTGTAAGAT GATGCGTTTG TGTTCAGCCA CTAAGCTGCA GTGATTCGTC 25060 55 ACAGCAGCAA ATGGAATAGC AGTACAGGGA AATGAATACA GGGACAGTTC TCAGAGTGAC TCTCAGCCCA

60 Beispiel 5

65

Der Vergleich der oben beschriebenen genomischen hTC-Sequenz mit der Sequenz der hTC-cDNA (Fig. 6; entsprechend SEQ ID NO 2) ermöglichte die Aufklärung der Exon-Intron-Struktur des hTC-Gens. Die genomische Organisation des hTC-Gens ist in Fig. 7 schematisch dargestellt. Die kodierende Region des hTC-Gens setzt sich aus

15

:

16 Exons zusammen, die in ihrer Größe zwischen 62 bp und 1354 bp variieren (s. Tabelle 1). Exon 1 enthält das Translationsstartcodon ATG. Das Translationsstopcodon TGA sowie der 3' untranslatierte Bereich liegen auf Exon 16 (Fig. 8). Ein mögliches Polyadenylierungssignal (AATAAA) wurde weder in Exon 16 noch in den 3195 bp der folgenden 3'-flankierenden Region gefunden. Basierend auf der Konsensussequenz

5'-Exon 3'-Exon Intron Prä-mRNA G Α T A/G A ... N C Α 10 Häufigk.(%) 70 60 80 100 100 70 80 100 100 60

wurden die Exon-Intron-Übergänge bestimmt und in Tabelle 1 aufgeführt. Mit Ausnahme der 5'-Splice-Stelle zwischen Exon 15 und Intron 15 stimmen alle Exon-Intron-Übergänge mit der publizierten (Shapiro und Senapathy, 1987) Splice-Konsensussequenz überein. Die Größe der Introns liegt zwischen 104 bp und 8616 bp. Da Intron 6 nur zum Teil isoliert wurde, kann die exakte Länge des hTC-Gens nicht bestimmt werden. Basierend auf der von Intron 6 erhaltenen Teilsequenz von ~4660 bp beträgt die minimale Größe des hTERT Gens 37 kb.

:

```
Die Introns 1-5 sowie der 5'-Bereich des Introns 6 sind in Contig 1 enthalten:
        Intron 1: bp 11493-11596 (SEQ ID NO 4);
        Intron 2: bp 12951-21566 (SEQ ID NO 5);
        Intron 3: bp 21763-23851 (SEQ ID NO 6);
 5
        Intron 4: bp 24033-24719 (SEQ ID NO 7);
        Intron 5: bp 24900-25393 (SEQ ID NO 8);
        5'-Bereich von Intron 6: bp 25550-26414 (SEQ ID NO 9).
        Der 3'-Bereich des Introns 6 sowie die Introns 7-15 sind in Contig 2 an folgenden
10
        Positionen lokalisiert:
        3'-Bereich von Intron 6: bp 1-3782 (SEQ ID NO 10);
        Intron 7: bp 3879-4858 (SEQ ID NO 11);
        Intron 8: bp 4945-7429 (SEQ ID NO 12);
        Intron 9: bp 7544-9527 (SEQ ID NO 13);
        Intron 10: bp 9600-11470 (SEQ ID NO 14);
15
        Intron 11: bp 11660-15460 (SEQ ID NO 15;
        Intron 12: bp 15588-16467 (SEQ ID NO 16);
        Intron 13: bp 16530-19715 (SEQ ID NO 17);
        Intron 14: 19841-20621 (SEQ ID NO 18);
20
        Intron 15: 20760-21295 (SEQ ID NO 19).
```

- Der 3'-nichttranskribierte Bereich befindet sich ebenfalls im Contig 2 an Position 21960-25138 (SEQ ID NO 20).
- 25 Die genannten Introns haben im einzelnen folgende Sequenzen:

Intron 1 (SEQ ID NO 4)

GTGGGCCTCCCCGGGGTCGGCTCCGGCTGGGGTTGAGGGCGGCCGGGGGGAACCAGCGACATGCGGAGAGCAGCGCAGG CGACTCAGGGCGCTTCCCCCGCAG

5

10

15

20

25

30

35

40

Intron 2 (SEQ ID NO 5)

 $\mathsf{TCTGCTCTCCTGTCCAGTTTGCATAAACTTACGAGGGTTCACCTTCACGTTTTGATGGACACGCGGTTTCCAGGCGC$ CGAGGCCAGAGCAGTGAACAGAGGAGGCTGGGCGCGCAGTGGAGCCGGCTTGCCGGCAATGGGGAGAAGTGTCTGGAAG CACAGACGCTCTGGCGAGGGTGCCTGCAGGTTACCTATAATCCTCTTCGCAATTTCAAGGGTGGGAATGAGAGGTGGGGA CGAGAACCCCCTCTTCCTGGGGGTGGGAGGTAAGGGTTTTGCAGGTGCACGTGGTCAGCCAATATGCAGGTTTGTGTTTA AGATTTAATTGTGTGTTGACGGCCAGGTGCGTGGCTCACGCCGGTAATCCCAGCACTTTGGGAAGCTGAGGCAGGTGGA TCACCTGAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAAACCCTATCTGTACTAAAAATACAAAAATTAGCTG GGCATGGTGGTGTGTGCCTGTAATCCCAGCTACTTGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATCACTTGAACCCAGGAGGCGGAGGC CGTTGATTGTGCCAGGACAGGGTAGAGGGAGGGAGATAAGACTGTTCTCCAGCACAGATCCTGGTCCCATCTTTAGGTAT GAAGAGGCCACATGGGAGCAGAGGACAGCAGATGGCTCCACCTGCTGAGGAAGGGACAGTGTTTGTGGGTGTTCAGGGG ATGGTGCTGCTGGGCCCTGCCGTGCCCCACCCTGTTTTTCTGGATTTGATGTTGAGGAACCTCCGCTCCAGCCCCCTTT TGGCTCCCAGTGCTCCCAGGCCCTACCGTGGCAGCTAGAAGAGTCCCGATTTCACCCCCTCCCCACAAACTCCCAAGAC A A AGT CATATA A CATGAGA TTGGCACTCCTAACA CCGTTTTCTGTGTACAGTGCAGAATTGCTAACTCGGCGGTGTTTA ${\tt GAGAGTTTGAGTTCTCTGATCAGGACTCTGCCTGTCATTGCTGTTCTCTGACTTCAGATGAGGTCACAATCTGCCCCTGG}$ GTCACGTGTAGGGTGAGGCGCGCCCCGGGTGTCCCTGTCCCGTGCAGCGTGATTGAGGTGTGGCCCCCGGGTGT CGCGGCCCCGGGTGTCCCTCTCAGGTGCAGGTGAGTGAGGCGCTGTCCCTGGTGTCCCTGTCTCGTGTAGGGTGAGT GAGGCTCTGTCCCCAGGTGTCCTTGGCGTTTGCTCACTTGAGCTTGCTCCTGAATGTTTGCTCTTTCTATAGCCACAGCT GCGCCGGTTGCCCATTGCCTGGGTAGATGGTGCAGGCGCAGTGCTGGTCCCCAAGCCTATCTTTTCTGATGCTCGGCTCT TCTTGGTCACCTCTCCGTTCCATTTTGCTACGGGGACACGGGACTGCAGGCTCTCGCCTCCCGCGTGCCAGGCACTGCAG CCACAGCTTCAGGTCCGCTTGCCTCTGTTGGGCCTGGCTTGCTCACCACGTGCCCGCCACATGCTGCCCAATACTCC TCTCCCAGCTTGTCTCATGCCGAGGCTGGACTCTGGGCTGCCTGTGTCTGCCACGTGTTGCTGGAGACATCCCAGAA AGGGTTCTCTGTGCCCTGAAGGAAAGCAAGTCACCCCAGCCCCCTCACTTGTCCTGTTTTCTCCCAAGCTGCCCCTCTGC TTGGCCCCCTTGGGTGGGTGGCAACGCTTGTCACCTTATTCTGGGCACCTGCCGCTCATTGCTTAGGCTGGGCTCTGCCT WO 99/33998

5

10

15

20

25

30

35

40

GAGGGCCGGTGTCTCCGCCAGCCTTCGTCAGACTTCCCTCTTGGGTCTTAGTTTTGAATTTCACTGATTTACCTCTGACG TTTCTATCTCTCCATTGTATGCTTTTTCTTGGTTTATTCTTTCATTCCTTTTCTTAGCTTTCTTAGTTTAGTCATGCCTTTC CCTCTAAGTGCTGCCTTACCTGCACCCTGTGTTTTGATGTGAAGTAATCTCAACATCAGCCACTTTCAAGTGTTCTTAAA ATACTTCAAAGTGTTAATACTTCTTTAAGTATTCTTATTCTGTGATTTTTTCTTTGTGCACGCTGTGTTTTTGACGTGA AATCATTTTGATATCAGTGACTTTTAAGTATTCTTTAGCTTATTCTGTGATTTCTTTGAGCAGTGAGTTATTTGAACACT GTTTATGTTCAAGATATGTAGAGTATCAAGATACGTAGAGTATTTTAAGTTATCATTTTATTTTCTAACTCAGT TGTGTAGTGGTCTGTATAATACCAATTATTTGAAGTTTGCGGAGCCTTGCTTTGTGATCTAGTGTGTGCATGGTTTCCAG AAGCTTCTGTCTCCTTCTAGATGCATGAAATTCCAAGAAGGAGGCCATAGTCCCTCACCTGGGGGATGGGTCTGTTCATT TCTTTTGGAGACTTCTATGTCTCTAGTAATCTAGTAATTCTTTTTTTAAATTGCTCTTAGTACTGCCACACTGGGCTTCT GAGTCTTGGTCTGTCGCCCAGGGTGAGTGCAGTGGTGTGATCACAGGTCAGTGTAACTTTTACCTTCTGGCCTGAGCCGT CCTCTCACCTCAGCCTCCTGAGTAGCTGGAACTGCAGACACCGCACCCGCTACACCTGGCTAATTTTTTAAATTTTTTCTGGA GACAGGGTCTTGCTGTGTTGCCCAGGCTGGTCTCAAACTCTTGGACTCAAGGGATCCATCTACCTCGGCTTCCCAAAGTG CTGAATTACAGGCATGAGCCACCATGTCTGGCCTAATTTTCAACACTTTTATATTCTTATAGTGTGGGTATGTCCTGTTA ACTAGAGACCCGCCTGGTGCACTCTGATTCTCCACTTGCCTGTTGCATGTCCTCGTTCCCTTGTTTCTCACCACCTCTTG GGTTGCCATGTGCGTTTCCTGCCGAGTGTGTTGATCCTCTCGTTGCCTCCTGGTCACTGGGCATTTGCTTTTATTTCT GGCTGGAGTGTAATGGCACAATCTCGGCTCACTGCAACCTCTGCCTCCTCGGTTCAAGCAGCTTCTCATTCCTCAACCTCA TGAGTAGCTGGGATTACAGGCCCACCACCACCACGCCTGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGAGATAGGCTTTCACCATGT TGGCCAGGCTGGTCTCAAACTCCTGACCTCAAGTGATCTGCCCGCCTTGGCCTCCCACAGTGCTGGGATTACAGGTGCAA GCCACCGTGCCCGGCATACCTTGATCTTTTAAAATGAAGTCTGAAACATTGCTTACCCTTGTCCTGAGCAATAAGACCCTT AGTGTATTTTAGCTCTGGCCACCCCCAGCCTGTGTGTGTTTTCCCTGCTGACTTAGTTCTATCTCAGGCATCTTGACA CCCCCACAGCTAAGCATTATTATATATTGTTTTCCGTGTTGAGTGTTTCTGTAGCTTTTGCCCCCGCCCTGCTTTTCCTCC TTATTGCTGGTAAACCCCAGCTTTACCTGTGCTGGCCTCCATGGCATCTAGCGACGTCCGGGGACCTCTGCTTATGATGC ACAGATGAAGATGTGGAGACTCACGAGGAGGGCGGTCATCTTGGCCCGTGAGTGTCTGGAGCACCACGTGGCCAGCGTTC CTTAGCCAGTGAGTGACAGCAACGTCCGCTCGGCCTGGGTTCAGCCTGGAAAACCCCAGGCATGTCGGGGTCTGGTGGCT CCGCGGTGTCGAGTTTGAAATCGCGCAAACCTGCGGTGTGGCGCCAGCTCTGACGGTGCTGCCTGGCGGGGGAGTGTCTG CTTCCTCCCTTCTGCTTGGGAACCAGGACAAAGGATGAGGCTCCGAGCCGTTGTCGCCCAACAGGAGCATGACGTGAGCC ATGTGGATAATTTTAAAATTTCTAGGCTGGGCGCGGTGGCTCACGCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAGGCGGG TGGATCACGAGGTCAGGAGGTCGAGACCATCCTGGCCAACATGATGAAACCCCATCTGTACTAAAAACACAAAAATTAGC TGGGCGTGGTGGCGGTGCCTGTAATCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATTGCTTGAACCTGGGAGTTGGAA TTTGTCTGCGGGATCCCGTGTGTAGGTCCCGTGCGTGGCCATCTCGGCCTGGACCTGCGCCTTCCCATGGCCATGGCT GTTGTACCAGATGGTGCAGGTCCGGGATGAGGTCGCCAGGCCCTCAGTGAGCTGGAGTGTGCAGTGTCCGGATGGTGCACG

:

WO 99/33998

5

10

15

20

25

30

40

GCCCTCGGTGAGCTGGAGGTATGGAGTCCGGATGATGCAGGTCCGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCTGTGAGCTGGATG TGTGGTGTCTGGATGGTGCAGGTCAGGGGTGAGGTCTCCAGGCCCTCGGTAAGCTGGAGGTATGGAGTCCGGATGATGCA AGGCCCTGCGGTGAGCTGGGTGTGCGGTGTCTGGATGGTGCAGGTCTGGAGTGAGGTCGCCAGACGGTGCCAGACCATGC GGTGAGCTGGATATGCGGTGTCCGGATGGTGCAGGTCTGGGGTGAGGTTGCCAGGCCCTGCTGTGAGTTGGATGTGGGGT GCCCTCGGTGAGCTGGATGTCCAGATGTCCAGATGCTGCAGGTCCGGGTGAGCTCGCCAGACCCTGCGGTGAGCTGGATG TGCGGTGTCTGGATGGTGCAGGTCTGGAGTGAGGTCGCCAGGCCCTCGGTGAGCTGGATGTATGGAGTCCGGATGGTGCC GGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGACCCTGCTGGAGCTGGATGTGCGGTGTCTGGATGGTACAGGTCTGGAGTGAGGTCGCC AGACCCTGCTGTGAGCTGGATATGCGGTGTCCGGATGGTGCAGGTCAGGGTGAGGTCTCCAGGCCCTCGGTGAGCTGGA GGTATGGAGTCCGGATGATGCAGGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCTGTGAACTGGATGTGCGGCGTCTGGATGGT GCAGGTCTGGGGTGTGGCCAGGCCCTCGGTGAGCTGGAGGTATGGAGTCCGGATGATGCAGGTCCGGGGTGAGGTCC GAGGTATGGAGTCCGGATGATGCAGGTCCGGGGTGAGGTTGCCAGGCCCTGCTGTGAGCTGGATGTGCTGTATCCGGATG GTGCAGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCTGTGAGCTGGATGTGCTGTATCCGGATGGTGCAGGTCTGGGGTGAGGT TGGATGTGCGGTGTCCCGGTGTCCGGATGGTCCAGGTCAGGCTCGCTAGGCCCTTGGTGGGCTGGATGTGCCGT GTCCGGATGGTGCAGGTCTGGGGTGAGGTCGCCAGGCCTTTGGTGAGCTGGATGTGCGGTGTCTGCATGGTGCAGGTCTG GGGTGAGGTCGCCAGGCCCTTGGTGGGCTGGATGTGTGGTGTCCGGATGGTGCAGGTCCGGCGTGAGGTCGCCAGGCCCT GCTGTGAGCTGGATGTCGGATGTGCAGGTCCGGGTGAGGTAGCCAAGGCCTTCGGTGAGCTGGATGTGGG GTGTCCGGATGGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCGGTTAGCTGGATATGCGGTGTCCGGATGGTGCAGGT CCGGGGTGAGGTCACCAGGCCCTGCGGTTAGCTGGATGTGCGGTGTCTGGATGGTGCAGGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGG CCCTGCTGTGAGCTGGATGTGCTGTATCCGGATGGTGCAGGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCAGTGAGCTGGATG TGCTGTATCCGGATGGTGCAGGTCTGGCGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCGGTTAGCTGGATATGCGGTGTCGGATGGTGCA GGTCCGGGGTGAGGTCACCAGGCCCTGCGGTTAGCTGGATGTGCGGTGTCCGGATGGTGCAGGTCTGGGGTGAGGTCGCC AGGCCCTGCTGTGAGCTGGATGTGCTGTATCCGGATGGTGCAGGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCGGTGAGCTGG ATGTGCTGTATCCGGATGGTGCAGGTCTGGCGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCGGTGAGCTGGATGTGCAGTGTACGGATGG TGCAGGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCGGTGGGCTGTATGTGTGTTGTCTGGATGGTGCAGGTCCGGGGTGAGTT CGCCAGGCCCTGCGGTGAGCTGGATGTGTGTGTCTGGATGCTGCAGGTCCGGGGTGAGTTCGCCAGGCCCTCGGTGAGC TGGATATGCGGTGTCCCGTGTCCGAATGGTGCAGGTCCAGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTTGGTGGGCTGGATGTGCCGT GTCCGGATGGTGCAGGTCTGGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTTGGTGAGCTGGATGTGCGGATGTCCGGATGGTGCAGGTCCG GGGTGAGGTCACCAGGCCCTCGGTGATCTGGATGTGGCATGTCCTTCTCGTTTAAG

35 Intron 3 (SEQ ID NO 6)

10

15

20

40

:

GCAACCTCCACCTCCTGGGTTTAAGCGATTCACCAGCCTCAGCCTCCTAAGTAGCTGGGATTACAGGCACCTGCCACCAC TGATCCACCCACCTTGGCCTCCCAAAGTGCTGGGTTTACAGGCTAAGCCACCGTGCCCAGCCCCGATTCTCTTTTAATT ${\tt CAGGGAGCACCTGGGGAGCACCTGGGGATAGGAGAGTTCCACCATGAGCTAACTTCTAGGTGGCTGCATTTGAATG}$ GCTGTGAGATTTTGTCTGCAATGTTCGGCTGATGAGAGTGTGAGATTGTGACAGATTCAAGCTGGATTTGCATCAGTGAG GGACGGGAGCGCTGGTCTGGGAGATGCCAGCCTGGCTGAGCCCAGGCCATGGTATTAGCTTCTCCGTGTCCCGCCCAGGC TGACTGTGGAGGCTTTAGTCAGAAGATCAGGCTTCCCCAGCTCCCCTGCACACTCGAGTCCCTGGGGGGCCTTGTGAC ACCCCATGCCCCAAATCAGGATGTCTGCAGAGGGGAGCTGGCAGCAGACCTCGTCAGAGGTAACACAGCCTCTGGGCTGGG GACCCCGACGTGGTGCTGGGGCCATTTCCTTGCATCTGGGGGAGGGTCAGGGCTTTCCCTGTGGGAACAAGTTAATACAC AATGCACCTTACTTAGACTTTACACGTATTTAATGGTGTGCGACCCAACATGGTCATTTGACCAGTATTTTGGAAAGAAT TTAATTGGGTGACCGGAAGGACCAGACGTGGTGGTCCCCAAGATGCTCCTTGTCACTACTGGGACTGTTGTTCTG ${\tt CCTGGGGGGCCTTGGAGGCCCTCCTCCTGGACAGGGTACCGTGCCTTTTCTACTCTGCTGGGCCTGCGGCCTGCGGTC}$ AGGGCACCAGCTCCGGAGCACCCGCGGCCCCAGTGTCCACGGAGTGCCAGGCTGTCAGCCACAGATGCCCAGGTCCAGGTGTGGCCGCTCCAGCCCCCGTGCCCCCATGGGTGGTTTTGGGGGAAAAGGCCAAGGGCAGAGGTGTCAGGAGACTGGTGGG CTCATGAGAGCTGATTCTGCTCCTTGGCTGAGCTGCCCTGAGCAGCCTCTCCCGCCCTCTCCATCTGAAGGGATGTGGCT CTTTCTACCTGGGGGTCCTGCCTGGGCCAGCCTTGGGCTACCCAGTGGCTGTACCAGAGGGACAGGCATCCTGTGTG AGGGGCATGGGTTCACGTGGCCCCAGATGCAGCCTGGGACCAGGCTCCCTGGTGCTGATGGTGGGACAGTCACCCTGGGG GTTGACCGCCGGACTGGGCGTCCCCAGGGTTGACTATAGGACCAGGTGTCCAGGTGCCCTGCAAGTAGAGGGGGCTCTCAG AGGCGTCTGGCTGGCATGGGTGGACGTGGCCCCGGGCATGGCCTTCAGCGTGTGCCGTGGGTGCCCTGAGCCCTCACTGAGTCGGTGGGGGCTTGTGGCTTCCCGTGAGCTTCCCCCTAGTCTGTTGTCTGGCTGAGCAAGCCTCCTGAGGGGGCTCT CTATTGCAG

Intron 4 (SEQ ID NO 7)

35 Intron 5 (SEQ ID NO 8)

10

15

20

25

30

35

40

AGTGGGGGACACCGCCAGGCCAGGCCCTGAGGGCAGAGGTGATGTCTGAGTTTCTGCGTGGCCACTGTCAGTCTCCTCGCCCTCCACACAG

5'-Bereich Intron 6 (SEQ ID NO 9)

3'-Bereich Intron 6 (SEQ ID NO 10)

TGTGGGATTGGTTTTCATGTGTGGGATAGGTGGGGATCTGTGGGATTGGTTTTTATGAGTGGGGTAACACAGAGTTCAAG GCGAGCTTTCTTCCTGTAGTGGGTCTGCAGGTGCTCCAACAGCTTTATTGAGGAGACCATATCTTCCTTTGAACTATGGT $\tt CGGGTTTATAGTAAGTCAGGGGTTGGAGGCCTCCCCTGGGCTCCCTGTTCTGTTTCTTCCACTCTGGGGTCGTGTGGTG$ CCTGCTGTGTGTGTGGCCGGTGGGCAGGGCTTCCAGGCCTCCTTGTGTTCATTGGCCTGGATGTGGCCTGGCTACGCT GTCTCGCTCTTTTTTGCCCAGGCTGGAGTGGTTTGGCGTGATCTTGGCTCACTGCAACCTTGCTTCCTGAGTTCAAGCA ATTCTCTTGCCTCAGCCTCCCAAGTAGCTGGAATTATAGGCGCCCCACCACCACCATGCTGACTAATTTTTGTAATTTTAGTAG AGACGAGGTTTCTCCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCAGGTGATCCTCCCACCTCGGCCTCCCAAAGT GCTGGGATGACAGGTGTGAACCGCCGGCCGGCCGAGACTCGCTTCCTGCAGCTTCCGTGAGATCTGCAGCGATAGCTG CCTGCAGCCTTGGTGCTGACAACCTCCGTTTTCCTTCTCCAGGTCTCGCTAGGGGTCTTTCCATTTCATGACTCTCTTCA CAGAAGAGTTTCACGTGTGCTGATTTCCCGGCTGTTTTCCTGCGTAATTGGTGTCTGCTTTTATCGATGGCCTCCTTCCA TCTAAACAAGCATCTGAAGTTGCCGTTTTCCCTCTAAAGCAGGGATCCCGAGGCCCCTGGCTGTGGAGTGGCACCGGTCT GGGGCCTGTTAGGAACCCGGCGCACAGCGGGAGGCTAGGTGGGGTGTGGGGAGCCAGCGTTCCCGCCTGAGCCCCGCCCC TCTCAGATCAGCAGTGGCATGCGGTGCTCAGAGGCGCACACACCCTACTGAGAACTGTGCGTGAGAGGGGGTCTAGATTCT GTGCTCCTTATGGGAATCTAATGCCTGATGATCTGAGGTGGAACCGTTTGCTCCCAAAACCATCCCCTTCCCCACTGCTG TCCTGTGGAAAAATCGTCTTCCACGAAACCAGTCCCTGGTACCACAATGGTTGGGGACCCTGTGCTAAAGACCTGCTTCA GCAGCCTCTCGTCAGTGTTGATATATTGGCTTTTCTGTGTTGAGTCCAGAATAATTACGGATTTCTGTGATGCTTTCCGC CGACCTCAGACCCATGGGCTATTTGTGGGCGTGTTGCCTGCTCCTGGGTTGGGAAGGGTGCAGGCCCCATGTACCTTCCT GTTACTGCCTTCCAGGTTGGTTCTCAGGGTTGAATCGTACTCGATGTGGTTTTAGCCCACGGCCCTGCCGCCAGCTCCTG GGGGCTGGGGAACATGCTGAAGCACAGAGTCACCGTGCGCGTCTTTTGATGCCTCACAAGCTCGAGGCCTCCTGTGTCCG TGTTAGTGTGTGTCACGTGCCTGCTCACATCCTGTCTTGGGGACGCAGGGGCTTAGCAGGTCCCGTAGTAAATGACAAGC

10

15

20

25

30

35

40

:

GTGGCTGCACCTGCATCCCTGCAGCACTGGGCTGGAGAGGCCCGGGAGCTCGAGTGCCACCTTGTGCCACGT GACTGTGGATGGCAGTCGGGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTTGGTCACAGGGGTCTGATGTGTG GTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGG ATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTG TGGTGACTGTGGATGGCAGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACT GTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGG CGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGTGATCGGTCA ${\tt CAGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGTGATCGGTCACAG}$ ${\tt TCTGATGTGTGACTGTGGATGGCGATCGGTCACAGGGGTCTGATGTGTGGTGATCTGGGATGGCGGTCTGGGGGTCT}$ GATGTGTGGTGACTGTGGGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGGGGTCGTGGGGTCTGATGTGGT GACTGTGGATGCCGTCGTGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGAT GGCGGTTGGTCCCGGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCAG TCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGG TCTGATGTGGTGATGTGGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGATGTGGTGATGTGGGGTCGTGGGGTCTGATGT GACTGTGGATGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGAT GGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTAGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCAGTCG GTCACAGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGG GGTCTGATGTGGGGGACTGTGGATGGCGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGAT GTGGTGACTGTGGATGGTCACAGGGGTCTGATGTGTGGTAGCTGCAGGTGGAGTCCCAGGTGTGTCTGTAGCT ACTITGCGTCCTCGGCCCCCGGCCCCGTTTCCCAAACAGAAGCTTCCCAGGCGCTCTCTGGGCTTCATCCCGCCATCG GGCTTGGCCGCAGGTCCACACGTCCTGATCGGAAGAAACAAGTGCCCAGCTCTGGCCGGGGCAGGCCACATTTGTGGCTC ATGCCCTCTCCTCTGCCGGCAG

Intron 7 (SEQ ID NO 11)

10

15

20

25

30

35

40

Intron 8 (SEQ ID NO 12)

:

CTTCCCCACTGNCCTTCTGCCCGGGGCCACCAGAGTCTCCTTTTCTGGCCCCCGCCCCCTCCGGCTCCTGGGCTGCAGGC TCCCGAGGCCCCGGAAACATGGCTCGGCTTGCGGCAGCCGGAGCGGAGCAGGTGCCACACGAGGCCTGGAAATGGCAAGC GGGGTGTGGAGTTGCTCCTGCGTGGAGGACGAGGGGCGGGGGGGTGTGTCTGGGTCAGGTGTGCGCCGAGCGTTTGAGCCT GGATTTTATCCGATTCTCATTCCTGTCCCTGTCGTGTGACCCCCGCGAGGGCGCGGGCTCTTCTCTCTGTGACTAGATTT GAGAGCTGCCGTCACACAGCCACTGGGTGAGCCACACTCACGGTGGTAGAGCCACAGTGCCTGGTGCCACATCACGTCCT AGAATTCGCTGACAAAGTCACCTCCCCAGAGAAGCCACCACGGGCCTCCTTCGTGGTCGTGAATTTTATTAAGATGGATC GGTGACTGTGTCTGTCCCTAGGACACGGACAGGCCCGAAGCTCTAGTCCCCATCGTGGTCCAGTTTGGCCTCTGA TCTGCTTGCGTTGACTCGCTGGGCTGGCCGGACTCCTAGAGTTGGTGCGTGTGCTTCTTGTGCAAAAAGTGCAGTCCTCTT $\tt CTGTTGTCTGGGGTTGAGTGCAGTGGCGGGATCTCAACTCACTGCAACCTCCGGCGTTCCAGCATTTCTC$ GGATTACAGGTGTGAGCCATCACGCCCAGCCGGAAAGCCTCTTTTTAAGGTGACCACCTATAGCGCTTCCCGAAAATAAC AGGTCTTGTTTTTGCAGTAGGCTGCAAGCGTCTCTTAGCAACAGGAGTGGCGTCCTGTGGGGTCTTGGGGATGGCTGAGGG TCGCGTGGCAGCCATGCCTTCTGTGTGCACCTTTAGGTTCCACGGGGGCTATTCTGCTCTCACTGTTTGTCTGAAAACGCA ${\tt CCCTTGGCATCCTTGTTTGGAGGGTTTCTCGTTGGTCATGCTGAAACTAGGGGCAAGGTTGTATCCGTTGGCGC}$ AGAGCAAGGATGTGGTCACACCTGTGGCTGGATCTGTTTCAGCCGCCCCAGTGCATGGTGAGAGTGGGGAGCAGGGATTG TTTGTTCAGAGGTCTCATCTGGTATGTTTCTGAGGTGTTTGCCGGCTGAATGGTAGACGTGTCGTTTGTGTGTATGAGGT TCTGTGTCTGTGTGTGGCTCGGTTTGAGTGTACGCATGTCCAGCACATGCCCTGCCCGGTCTCTCACCTGTGTCTTCCCGC CCCAG

Intron 9 (SEQ ID NO 13)

GTGAGGCCTCCTCTTCCCCAGGGGGGCTTGGGTGGGGGTTGATTTGCTTTTGATGCATTCAGTGTTAATATTCCTGGTGC
TCTGGAGACCATGACTGCTCTGTCTTGAGGAACCAGACAAGGTTGCAGCCCCTTCTTGGTATGAAGCCGCACGGGAGGGG
TTGCACAGCCTGAGGACTGCGGGCTCCACGCAGGCTCTGTCCAGCGGCCATGTCCAGAGGCCTCAGGGCTCAGCCAGGCTG
GAGGGCCGCTGCCCTGCATGATGAGCATGTGAATTCAACACCGAGGAAGCACACCAGCTTCTGTCACGTCACCCAGGTTC

10

15

20

25

30

35

40

٠.

CGTTAGGGTCCTTGGGGAGATGGGGCTGGTGCAGCCTGAGGGCCCCACATCTCCCCAGCAGGCCCTCGACAGGTGGCCTGGA CTGGGCGCCTCTTCAGCCCATTGCCCACTTGCATGGGGTCTACACCCAAGGACGCACACACCTAAATATCGTGCC ATGTGCACGACGTGCAGGTTAGTTACATATGTATACATGTGCCATGTTGGTGTGCTGCACCCATTAACTCATCATCTACA TTAGGTATATCTCCTAATGCTATCCCTCCCCACTCCCCCATCCCATGACAGGCCCTGGTGTGTGATGTTCCCCACCCTG GCTCAGAGTGATGGTTTCCAGCTTCGTCCATGTCCCTACAAAGGACATGAACTCATCCTTTTTTATGACTGCATAGTATT ${\tt CCGTGGTGTATATGTGCCACATTTTCTTAATCCAGTCTATCATCGATGGACATTTGGGTTGCAAGTCTTTGCTACT}$ GTGAATAGTGCCGCAATAAACATACGTGTGCATGTGTCTTTATAGCAGCATGATTTATAATCCTTTGGGTATATACCCAG TAATGGGATGGCTGGGTCAAATGGTATTCTAGTTCTAGATCCTTGAGGAATCACCACACTGTCTTCCACAATGGTTGAA CTAGTTTACACTCCCACCAACAGTGTAAAAGTGTTCTGGTGCTGGAGAGGATGTGGACAGCAGTTATTTTTTTATGAAAA TAGTATCACTGAACAAGCAGACAGTTAGTGAAGGATGCGTCAGGAAGCCTGCAGGCCACACAGCCATTTCTCTCGAAGAC TCCGGGTTTTTCCTGTGCATCTTTTGAAACTCTAGCTCCAATTATAGCATGTACAGTGGATCAAGGTTCTTCTTCATTAA GGAAAGTGTCCTCGAGCTGGCGGCACACTGGTCAGCCCTCTGGGACAGGATACCTCTGGCCCATGGTCATGGGCCGCTGG GCTTGGGCCTGAGGGTCACACAGTGCACCATGCCCAGCTTCCTGTGGATAGGATCTGGGTCTCGGATCATGCTGAGGACC ACAGCTGCCATGCTGTAAAGGGCACCACGTGGCTCAGAGGGGGGCGAGGTTCCCAGCCCCAGCTTTCTTACCGTCTTCAG GCTGATGGTAAACACTGAGTACTTATAATGAATGAGGAATTGCTGTAGCAGTTAACTGTAGAGAGCTCGTCTGTTGGAAA TCGTAGACAGATACTACGTAAAAAGTGTAAAGTTAACCTTGCTGTGTATTTTCCCTTATTTTAG

Intron 10 (SEQ ID NO 14)

GTGAGGCCCGTGCCGTGTCTGTGGGGACCTCCACAGCCTGTGGGCTTTGCAGTTGAGCCCCCCGTGTCCTGCCCCTGG CACCGCAGCGTTGTCTCTGCCAAGTCCTCTCTCTCTCTGCCGGTGCTGGATCCGCAAGAGCAGAGCGCGCTTGGCCGTGCACC ACACACGTGGTGAGTGCAGGCGGTGACCTGGCTCCTGCTGCTCTTTGGAAAGTCAAGAGTGGCGGCTCCTGGGGCCCCAG TGAGACCCCCAGGAGCTGTGCACAGGGCCTGCAGGGCCGAGGCGGCAGCCTCCTCCCCCAGGGTGCACCTGAGCCTGCGGA GAGCAGGAGCTGCTGAGTGAGCTGCCCACAGCGTTCGCTGCGGTCACGTTCCTGCGTGGGGTTGTTTGGGATCGGTGGG AGAATTTGGATTTGCTGAGTGCTGCTGTCTTGAACCACGGAGATGGCTAGGAGTGGGTTTCAGAGTTGATTTTTTGTGAAT CAAACTAAAATCAGGCACAGGGGACCTGGCCTCAGCACAGGGGATTGTCCAATGTGGTCCCCCTCAAGGGCGCCCCACAG AGCCGGTGGGCTTGTTTTAAAGTGCGATTTGACGAGGGACGAGAAACCTTGAAAGCTGTAAAGGGAACCCTCAGAAAATG TGGCCGCCAGGGGTGGTTTCAGGTGCTTTGCTGGGCTGTGTTTGTGAAAACCCATTTGGACCCGCCCTCCAAGTCCACCC TCCAGGTCCACCCTCCAGGCCGCCCTGGGCTGGGGGTATGCCTGGCGTTCCTTGTGCCGCAGCCCGGAGCACAGCAGGC TGTGCACATTTAAATCCACTAAGATTCACTCGGGGGGGGCCCAGGTCCCAAGCAACTGAGGGCTCAGGAGTCCTGAGGCT GCTGAGGGGACAGAGCAGACGGGAACGCTGCTTCTGTGTGGCAAGTTCCTGAGGGTGCTGGCCAGGGAGGTGGCTCAGA GTGTATGTTGGGGTCCCACCGGGGGCAGACTCTGTCTCTGATGAGTCGGCAGCCATGTAACAGGAAGGGGTGGCCACAG GGAGCTGGGAATGCACCAGGGGAGCTGCGCAGCTGGCCGAGGTCCCAGGCCAGGCCACAGGAAGGGCAGGGGACGCCC GGGGCCACAGAGAGGCCGCAGGAAGGGAAGGGGATGCCCAGGCCAGAGCAGAGGCTACCGGGCACAGGGGGCTCCCTG AGCTGGGTGAGCGAGGCTCATGACTCGGCGAGGGAACCTCCTTGACGTGAAGCTGACGACTGGTGTTGCCCAGCTCACAG

10

15

20

25

30

35

40

Intron 11 (SEQ ID NO 15)

GTGAGCGCACCTGGCCGGAAGTGGAGCCTGTGCCCGGCTGGGGCAGGTGCTGCTGCAGGGCCGTTGCGTCCACCTCTGCT TCCGTGTGGGGCAGGCGACTGCCAATCCCAAAGGGTCAGAGGCCACAGGGTGCCCCTCGTCCCATCTGGGGCTGAGCAGA AATGCATCTTTCTGTGGGAGTGAGGTGCTCACAACGGGAGCAGTTTTCTGTGCTATTTTGGTAAAAGGAAATGGTGCAC CAGACCTGGGTGCACTGAGGTGTCTTCAGAAAGCAGTCTGGATCCGAACCCAAGACGCCGGGCCCTGCTGGGCGTGAGT CTCTCCGAACCCAGAGACTTCAGGGCCCTTTTGGGCGTGAGTCTCTCCGCTGTGAGCCCCACACTCCAAGGCTCATCCAC AATTCTGGGGTCTTGTTTCCCCAGAGCCCGAGAGCTCAAGGCCCCGTCTCAGGCTCAGACAAATGAATTGAAGATGGA ATAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCGAGGTGGGTGGATCACTTGAGGCCAGGAGTTTGAGGCCAACCTAACCAACATAGTG AAATTCCATTTCTACTTAAAAAATACAAAAATTAGCCTGGCCTGGTGGCACACGCCTGTAGTCCCCGCTATGCGGGAGGC TGAGGCAGGAGAATCATTTGAACCCAGGAGGCAGAGGTTGCAGTGAGCCGAGATCACACCACTGCACTCCAGCCTGGGCA ACAGAGTGAGACTTCATCTTAAAAAAAAAAAAAAAGTATCAGCATTCCAAAACCATAGTGGACAGGTGTTTTTTTATTC TGTCCTTCGATAATATTTACTGGTGCTGTGCTAGAGGCCGGAACTGGGGGTGCCTTCCTCTGAAAGGCACACCTTCATGG GAAGAGAAATAAGTGGTGAATGGTTGTTAAACCAGAGGTTTAAACTGGGGTCCTGTCGTTCTGAGTTAACAGTCCAGATC TGGACTTTGCCTCTTTCCAGAATGCTCCCTGGGGTTTGCTTCATGGGGGAGCAGCAGGTGTGGACACCCTCGTGATGGGG GAGCAGCAGGTGCAGACGCCCTCATGATGGGGGGAGTGCAGGTGCAGACACCCTTGTGCATGGTGCCCAGCATGTCCCTG TTGCAGCTCCCCCACAAGGATGCCGGTCTCCTGTGCTCCCCACAGTCCCTGCTTCCCTCTCACAGCCTTACCTGGTC CTGGCCTCCACTGGCTTTGTCTGCATGATTTCCACATTTCCTGGGCTCCCAGCACCTCTTCGCCTCTCCCAGGCACCTCT GCAGTGCTGGCCATACCAGTCAGCTGTGAACTGTCCACTGCTTATTTTGCTCCCCATGAAATGTATTTTTTAGGACAGGC GCAGTGGTTCGCCATACTCAGGGTGAACTCACATCCTCTGTGTCTGAAGTATACAGCAGAGGCTTGAAGGGCATCTGGGA GAAGAAAACAGGCAAAATGATTAAGAAAAAGTGAAAAAAGGAAAAGTGGTAAGATGGGAATTTTCTTGTCCAGATTTTAGTC TCCCAAACCACAGCTCAGATGGTAGAATGTGGTCAGAACTGATGGACAGAACAATAGAACAAAACGGAAGCCCTATCTCT GACTGGAAGCAAATAAGTTGTGTCTTTACAGCATATACCAGAGCAGATTCTAGGTAGAAGAGGAGACACATGCAAACAAC ACCAGCAACAGAAATAAAACAAAAGACTCAAAGGGAAGGGAGGTGAACGTTCCCTGGTTTGGTGTTGGGGAAGGACACAC AGGGAGGCGGATGAAACCAGTGAGGCAACGGGCATTGCTTTCACTGCAGAGAAACTCAGCTTGCCTGAGCCACAGTGAAA

10

15

20

25

30

35

40

:

GTTCTCCTAACCACCTGAGAGGTAGAGGAGGAAAGGCTCCAGGGGGAGCAGCCGCCCTTGGTCACCCAGCTGGCAAAGGGC ATGCATGATTGCAGCCTGGCCTCCTGCTCCGGGGCCCTTGCTCTGCCCGAGGACCCCACACAAGTCAGACCCATAGGCTC AGGGTGAGCCCGAGGCCCAAGGTCGTGTGGGGATGGCTGTGAAAGAAGAAATGGACGTCTGATGCACACTTGGGAAGGTC CTACCAGCAGCGTCAAAGAAATGCATGTGAAACTGACAGCGAGACCCATCCCTCAAAGAAACGCACGTGAAACTGATGGC GAGACCTGTCCCCATCCCTCATGCTGGCTCCTTTTCTGGGCTTGCCAAGAGCCAGCATCAGGTTGAGGCAAGCTGGAAAG ACTITICTGGAAAGCAGCTTGTTTGCATGGAAGTCCTCACAATGTCCTGTGTCTTCCCAGTAATTCCACTTCTGAAGTGA ${\tt CARATACAGGGCTAAGGAGATATTATGCATCACAAAACTTGCTCTGCCATTAAACATTTTTCAAAGAATTTTTGAAGAAT}$ GTTTAATGGCACAAAACGTTTATTTCAATGTAGCAGTGTTCAAAGCTGGATGTAAAAGAACACACCCCAGGAGCCTGCCG GCTCTTCCATCCCTGAGATTCAAACACAGTGAGATTCCCCAACCCCAACTCAGTGTTCTCCCACAAAAAACCTGAGTCAC ACCTGTGTTCACTCGAGGGACGCCCGGGAGCCAGGGCTCCACAGTTTATTATGTGTTTTTTGGCTGAGTTATGTGCAGATC TCATCAGGGCAGATGATGAGGCACAAACACGGCCGTGCGAGGTTTGGATACACTCAACATCACTAGCCAGGTCCTGGTG GAGTTTGGTCATGCAGAGTCTGGATGGCATGTAGCATTTGGAGTCCATGGAGTGAGCACCCAGCCCCCTCGGGCTGCAGC GGGGCAGGCACCTGTGTCTGACATTCCCCCCTGTGTCTCAG

Intron 12 (SEQ ID NO 16)

Intron 13 (SEQ ID NO 17)

10

15

20

25

30

:

ACAAGCCTCGGGGCTGTACCAAAGGGCAGTCGGGCACCACAGGCCCGGGCCTCCACCTCAACAGGCCTCCCGAGCCACTG GGAGCTGAATGCCAGGAGGCCGAAGCCCTCGCCCCATGAGGGCTGAGAAGGAGTGTGAGCATTTGTGTTACCCAGGGCCG AGGCTGCGCGAATTACCGTGCACACTTGATGTGAAATGAGGTCGTCGTCTATCGTGGAAACCCAGCAAGGGCTCACGGGA AGAGCCACAGCTGCATGTTACCGCCTTTGCACCAGCTCCAGAGGCTTGGGACCAGGCTGTCTCAGTTCCAGGGTGCGTCC $\tt CCCTCGTGCAAGCTGCTTGACTCCTTTCCGGAAACCCTTGGGGTGTGCTGGATACAGGTGCCACTGAGGACTGGAGGTGT$ CAGGTGAAAACTCCTGGGAAACTCCCAGGGCCATGTGACCTGCCACCTGCTCCCTATATTCAGCTCAGTCTTGTCCTC ATTTCCCCACCAGGGTCTCTAGCTCCGAGGAGCTCCCGTAGAGGGCCTGAGGTCAGGGCAGGGCGGCTGAGTTTCCCCAC CCATGTGGGGACCCTTGGGTAGTCGCTTGATTGGGTAGCCCTGAGGAGGCCGAGATGCGATGGGCCACGGGCCGTTTCCA AACACAGAGTCAGGCACGTGGAAGGCCCAGGAATCCCCTTCCCTCGAGGCAGGAGTGGGAGAACGGAGAGCTGGGCCCCG ATTTCACGGCAGCCAGGCTGCAGTGGGGGGCTGTGGTGGTCCACGTGGCGCTGGGGGCGGGGTCTGATTCAAATCCGC TGGGGCTCGGCCTTCCTGGCCGTGCTGGCCGCGCCTCCACACGGGCTTGGGGTGGACGCCCCGACCTCTAGCAGGTGGC TATTTCTCCCTTTGGAAGAGGCCCCTCACCCATGCTAGGTGTTTCCCTCCTGGGTCAGGAGCGTGGCCGTGTGGCAACC $\tt CCGGGACCTTAGGCTTATTTATTTGTTTAAAAACATTCTGGGCCTGGCTTCCGTTGTTGCTAAATGGGGAAAAGACATCC$ CACCTCAGCAGAGTTACTGAGAGGCTGAAACCGGGGTGCTGGCTTGACTGGTGATCTCAGGTCATTCCAGAAGTGGCT CAGGAAGTCAGTGAGACCAGGTACATGGGGGGCTCAGGCAGTGGGTGAGATGAGGTACACGGGGGGCTCAGGCAGTGGGT GAGGCCAGGTACATGGGGGGCTCAGGCACTGGGTGAGATGAGGTACACGGGGGGGCTCAGGCAGAGGGTCAGACCAGGTAC ACGGGGGCTCTGATCACACGCACATATGAGCACATGTGCACATGTGCTGTTTCATGGTAGCCAGGTCTGTGCACACCTGC CCCAAAGTCCCAGGAAGCTGAGAGGCCAAAGATGGAGGCTGACAGGGCTGGCGCGCTGCCTCACACCTGTAGTCCCAGCA CTTTGGGAGGCCGAGGGATCCCTTGAGCCCAGGAGTTTAAGACCAGCCTGAGCAACATAGTAGAACCCCATCTC TATGAAAAATAAAAACAAAAATTAGCTGAACATGGTGGTGTGCGCCTGTAGTTCCAATACTTGGGAGGCTGAAGTGGGAG GATCACTTGAGCCCAGGAGGTGGAAGCTGCAGTGAGCTGAGATTGCACCACTGTACTGCAGCCTGGGTGACAGAGTGAGA CACCACAGGGGCGGGTGGCTCAGAAGGGATGCGCAGGACGTTGATATACGATGACATCAAGGTTGTCTGACGAAGGGCAG GATTCATGATAAGTACCTGCTGGTACACAAGGAACAATGGATAAACTGGAAACCTTAGAGGCCTTCCCGGAACAGGGGCT AATCAGAAGCCAGCATGGGGGGCTGGCATCCAGGATGGAGCTGCTTCAGCCTCCACATGCGTGTTCATACAGATGGTGCA GCCACACCCACGAGCACCGTCTGATTAGGAGGCCTTTCCTCTGACGCTGTCCGCCATCCTCTCAG

Intron 14 (SEQ ID NO 18)

5

10

20

25

30

35

40

Intron 15 (WEQ ID NO 19)

15 3'-untranskribierter Bereich (SEQ ID NO 20)

GGTCAGTGCGGGCCCATGGCTGTGCATTTACGGAAGTCTATGAGTGAATGGGGTTGTGGTCAGTGCGGGCCCATG GCCTGGCTGGGCCTGGGAGGTTTCTGATGCTGTGAGGCAGGGGGAAGGAGGGGTAGGGGATAGACAGTGGGAGCCCCCA GGTGCACATCCTCTGGGCCATCAGCTTTCATGGAGGTGGGGGGCAGGGGCATGACACCATCCTGTATAAAATCCAGGATT CCTCCTCGAACGCCCCAACTCAGGTTGAAAGTCACATTCCGCCTCTGGCCATTCTCTTAAGAGTAGACCAGGATTCTG ATCTCTGAAGGGTGGGTAGGGTGGGGCAGTGGAGGGTGTGGACACAGGAGGCTTCAGGGTGGGGCTGGTGATGCTCTCTC ATCCTCTTATCATCTCCCAGTCTCATCTCTCATCCTCTTATCATCTCCCAGTCTCATCTGTCTTCCTCTTATCTCCCAGT CTCATCTGTCATCCTCTTACCATCTCCCAGTCTCATCTCTTATCCTCTTATCTCCTAGTCTCATCCAGACTTACCTCCCA GAGGGGCGCTCAGAGGGACGCAGTCTTGGGTGAAGAAACAGCCCCTCCTCAGAAGTTGGCTTGGGCCACACGAAACCG AGGGCCTGCGTGAGTGGCTCCAGAGCCTTCCAGCAGGTCCCTGGTGGGGCCTTATGGTATGGCCGGGTCCTACTGAGTG CACCTTGGACAGGGCTTCTGGTTTGAGTGCAGCCCGGACGTGCCTGGTGTCGGGGTGGGGGGCTTATGGCCACTGGATATG GCGTCATTTATTGCTGCTTCAGAGAATGTCTGAGTGACCGAGCCTAATGTGTATGGTGGGCCCAAGTCCACAGACTG GCGCCTTTGCCCTGCAAACTGGAAGGGAGCGCCCCGGGCGCCCTGGGCGGACGACCTCAAGTGAGAGGTTGGACAGAAC AGGGCGGGGACTTCCCAGGAGCAGAGGCCGCTGCTCAGGCACACCTGGGTTTGAATCACAGACCAACAGGTCAGGCCATT GTTCAGCTATCCATCTTCTACAAAGCTCCAGATTCCTGTTTCTCCGGGTGTTTTTTGTTGAAATTTTACTCAGGATTACT TATATTTTTTGCTAAAGTATTAGACCCTTAAAAAAGGTATTTGCTTTGATATGGCTTAACTCACTAAGCACCTACTTTAT TTGTCTGTTTTTTTTTATTATTATTATTATTAGAGATGGTGTCTACTCTGTCACCCAGGTTGTTAGTGCAGTGGCACAGTCATGGCTCGCTGTAGCCGCAAACCCCCAGGCTCAAGTGATCCTCCGGCCTCAGCTTCCCAGAGTGCTGGGATTACAG GTGTGAGCCACTGCCCTTGCCTGGCACTTTTAAAAACCACTATGTAAGGTCAGGTCCAGTGGCTTCCACACCTGTCATCC CAGTAGTTTGGGAAGCCGAGGCAGAAGGATTGTCTGAGGCCAGGAGTTTGAGACCAGCATGGGTAACATAGGGAGACCCC

:

Die Charakterisierung der Exons zeigte interessanterweise, daß die in unserer Patentanmeldung PCT/EP/98/03469 beschriebenen, funktionell wichtigen hTC-Protein-Domänen auf separaten Exons angeordnet sind. Das Telomerase-charakteristische T-Motiv befindet sich auf Exon 3. Die für die katalytische Funktion der Telomerase wichtigen RT (Reverse-Transkriptase)-Motive 1-7 liegen auf folgenden Exons: RT Motiv 1 und 2 auf Exon 4, RT Motiv 4 auf Exon 9, RT Motiv 5 auf Exon 10, RT Motiv 6 und 7 auf Exon 11. RT Motiv 3 liegt verteilt auf Exon 5 und 6 vor (s. Fig. 8).

10

15

20

25

30

5

Die Aufklärung der Exon-Intron-Struktur des hTC-Gens zeigt auch, daß die in unserer Patentanmeldung PCT/EP/98/03469 beschriebenen vier Deletions- bzw. Insertions-Varianten der hTC-cDNA ebenso wie drei weitere, in der Literatur (Kilian et al., 1997) beschriebene hTC-Insertions-Varianten höchstwahrscheinlich alternative Splice-Produkte darstellen. Wie in Fig. 8 gezeigt, lassen sich die Splice Varianten in zwei Gruppen einteilen: Deletionsvarianten und Insertionsvarianten.

Den hTC-Varianten der Deletionsgruppe fehlen spezifische Sequenzabschnitte. Die 36 bp in frame Deletion in Variante DEL1 resultiert höchstwahrscheinlich aus der Benutzung einer alternativen 3'-Splice Akzeptorsequenz in Exon 6, wodurch ein Teil des RT Motivs 3 verlorengeht. In Variante DEL2 werden die normalen 5'-Splice Donor- und 3'-Splice-Akzeptor Sequenzen von Intron 6, 7 und 8 nicht benutzt. Stattdessen wird Exon 6 direkt an Exon 9 fusioniert, wodurch eine Verschiebung des offenen Leserahmens entsteht und in Exon 10 ein Stopcodon auftritt. Variante Del3 stellt eine Kombination aus Variante 1 und 2 dar.

Die Gruppe der Insertions-Varianten zeichnet sich durch die Insertion von Intronsequenzen aus, die zu vorzeitigen Translationsstop führen. Anstelle der normalerweise benutzten 5'-Splice Donorsequenz von Intron 5 wird eine alternative, 3'-lokalisierte Splicestelle in Variante INS1 benutzt, wodurch eine Insertion der ersten 38 bp aus Intron 4 zwischen Exon 4 und Exon 5 entsteht. Ebenso resultiert die

Insertion eines Intron 11-Sequenzbereichs in Variante INS2 aus der Benutzung einer alternativen 5'-Splice Donorsequenz in Intron 11. Da diese Variante in der Literatur (Kilian et al., 1997) nur unzureichend beschrieben wurde, läßt sich die genaue alternative 5'-Splice Donorsequenz dieser Variante nicht bestimmen. Die Insertion von Intron 14 Sequenzen zwischen Exon 14 und Exon 15 in Variante INS3 entsteht durch die Benutzung von einer alternativen 3'-Splice Akzeptorsequenz, wodurch der 3'-Teil von Intron 14 nicht gesplict wird.

Die in unserer Patentanmeldung PCT/EP/98/03469 beschriebene hTC-Variante INS4 (Variante 4) zeichnet sich durch den Ersatz von Exon 15 und dem 5'-Teilbereich von Exon 16 durch die ersten 600 bp des Introns 14 aus. Diese Variante ist auf den Gebrauch einer alternativer internen 5'-Splice Donorsequenz in Intron 14 und einer alternativen 3'-Splice Akzeptorsequenz in Exon 16 zurückzuführen, woraus ein veränderter C-Terminus resultiert.

15

20

10

5

Die *in vivo*-Generation wahrscheinlich nicht-funktioneller hTC-Proteinvarianten, die mit der Funktion des vollständigen hTC-Proteins interferieren könnten, stellt zusätlich zur Transkriptionsregulation einen möglichen Mechanismus dar, um die hTC-Proteinfunktion zu kontrollieren. Bis heute ist die Funktion der hTC-Splicevarianten nicht bekannt. Obwohl die meisten dieser Varianten vermutlich für Proteine ohne Reverse-Transkriptase-Aktivität kodieren, könnten sie dennoch eine entscheidende Rolle als transdominant-negative Telomerase-Regulatoren spielen, indem sie z.B. um die Interaktion mit wichtigen Bindungspartnern kompetieren.

Die Suche nach möglichen Transkriptionsfaktorbindungstellen wurde mit dem "Find Pattern"-Algorithmuses aus dem "GCG Sequenz Analysis" Programmpacket der "Genetics Computer Group" (Madison, USA) durchgeführt. Dadurch wurden verschiedene potentielle Bindungsstellen für Transkriptionsfaktoren in der Nukleotidsequenz von Intron 2 identifiziert, die in der Tab. 2 aufgelistet sind.

Darüberhinaus wurde im Intron 1 eine Sp1-Bindungsstelle (Pos. 43) und im 5'-

÷

untranslatiertem Bereich eine c-Myc-Bindungsstelle (cDNA-Position 29-34, vergl. Fig. 6) gefunden.

Beispiel 6

5

10

15

20

25

30

Um den oder die Startpunkt(e) der hTC-Transkription in HL 60 Zellen zu ermitteln, wurde das 5'-Ende der hTC-mRNA durch Primer-Extension-Analyse bestimmt.

Es wurden 2 µg PolyA+RNA aus HL-60-Zellen für 10 min bei 65°C denaturiert. Zur Primeranlagerung wurden 1 µl RNasin (30-40 U/ml) und 0,3-1 pmol radioaktiv markierter Primer (5'GTTAAGTTGTAGCTTACACTGGTTCTC 3'; 2,5-8x10⁵ cpm) zugegeben und für 30 min bei 37°C in einem Gesamtvolumen von 20 ul inkubiert. Nach Zugabe von 10 μl 5xReverse Transkriptase-Puffer (Fa. Gibco-BRL), 2 μl 10 mM dNTPs, 2 μl RNasin (s.o.), 5μl 0,1 M DTT (Fa. Gibco-BRL) 2 μl ThermoScript RT (15 U/µl; Fa. Gibco-BRL) und 9 µl DEPC-behandeltes Wasser erfolgte die Primer-Verlängerung in einem Gesamtvolumen für 1 h bei 58°C. Die Reaktion wurde durch 4 µl 0,5 M EDTA, pH 8,0, gestoppt und die RNA nach Zugabe von 1 µl RNaseA (10 mg/ml) für 30 min bei 37°C abgebaut. Hierauf wurden 2,5 µg gescherte Kalbsthymus-DNA und 100 µl TE addiert und einmal mit 150µl Phenol/Cloroform (1:1) extrahiert. Die DNA wurde unter Zusatz von 15 µl 3 M Na-Acetat und 450 µl Ethanol für 45 min bei -70°C gefällt und anschließend für 15 min bei 14000 Upm abzentrifugiert. Das Präzipitat wurde einmal mit 70 %igem Ethanol gewaschen, luftgetrocknet und in 8 µl Sequenzierungs-Stoplösung gelöst. Nach 5 min Denaturierung bei 80°C wurden die Proben auf ein 6 %iges Polyacrylamidgel aufgetragen und elektrophoretisch (Ausubel et al., 1987) aufgetrennt (Fig. 5).

Hierbei wurde eine Haupt-Transkriptionsstartstelle identifiziert, die 1767 bp 5' vom ATG-Startcodon der hTC-cDNA Sequenz lokalisiert ist (Nukleotidposition 3346 in Fig. 4). Die Nukleotidsequenz um diesen Haupttranskriptionsstart (TTA, TTGT) repräsentiert darüberhinaus ein Initiator-Element (Inr), das in 6 von 7 Nukleotiden

mit dem Konsensusmotiv (PyPyA, Na/tPyPy) (Smale, 1997) eines Initiator-Elementes übereinstimmt.

In unmittelbarer Nähe des experimentell identifizierten Haupt-Transkriptionsstartes konnte keine eindeutige TATA-Box identifiziert werden, so daß der hTC-Promoter wahrscheinlich in die Familie der TATA-losen Promotoren (Smale, 1997) einzuordnen ist. Allerdings wurde durch Bioinformatik Analyse eine potentielle TATA-Box von Nukleotidposition 1306 bis 1311 (Fig. 4) gefunden. Die zusätzlich um den Haupt-Transkriptionsstart beobachteten Neben-Transkriptionsstarts wurden auch bei anderen TATA-losen Promotoren beschrieben (Geng and Johnson, 1993), wie z.B. in den stark regulierten Promotoren einiger Zellzyklusgene (Wick *et al.*, 1995).

Beispiel 7

Zusätzlich zu dem in Beispiel 6 beschriebenen, in HL60 Zellen identifizierten Startpunkt des hTC Transkriptes, wurde ein weiterer Transkriptionsstartbereich in HL60 Zellen identifiziert. Anhand von RT-PCR-Analysen wurde die Region des Transkriptionsstarts des hTC-Gens in HL60 Zellen auf die bp -60 bis -105 eingegrenzt.

20

25

30

5

10

15

Unter Einsatz von 0,4 µg Poly A-RNA aus HL60 Zellen (Clontech) und dem genspezifischen Primer GSP13 (5'-CCTCCAAAGAGGTGGCTTCTTCGGC-3', cDNA-Position 920-897) wurde hierfür die cDNA mit Hilfe des "First Strand cDNA-Synthesis Kit" (Clontech) nach Angaben der Hersteller synthetisiert. In einem Endvolumen von 50 µl wurden 1 µl cDNA mit 10 pmol dNTP-Mix versetzt und in 1xPCR-Reaktionspuffer F (PCR-Optimizer Kit der Fa. InVitrogen) und einem Unit Platinum-Taq-DNA Polymerase (Fa. Gibco/BRL) eine PCR-Reaktion durchgeführt. Als Primer wurden jeweils 10 pmol der nachfolgend definierten 5'- und 3'-Primer zugefügt. Die PCR wurde in 3 Schritten durchgeführt. An eine zweiminütige Denaturierung bei 94°C schlossen sich 36 PCR-Zyklen an, in denen die DNA zunächst für 45 sec bei 94°C denaturiert wurde und anschließend für 5 min bei 68°C die Primer

WO 99/33998

angelagert und die DNA-Kette verlängert wurde. Zum Abschluß folgte für 10 min eine Kettenverlängerung bei 68°C. Insgesamt wurden sechs verschiedene 5'-PCR Primer (Primer HTRT5B: 5'-CGCAGCCACTACCGCGAGGTGC-3', cDNA-Position 105 bis 126; Primer C5S: 5'-CTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGC-5'-flankierende Region -49 bis -23: Primer PRO-TEST1: CTCGCGGCGCGAGTTTCAGGCAG-3', 5'-flankierende Region -74 bis -52; Primer PRO-TEST2: 5'-CCAGCCCCTCCCCTTCCTTTCC-3', 5'-flankierende Region -112 bis -91; Primer PRO-TEST4: 5'-CCAGCTCCGCCTCCTCCGCGC-3', 5'-flankierende Region -191 -171; Primer RP-3A: 5'-CTAGGCCGATTCGACCTCTCC-3', 5'-flankierende Region -427 bis -405) mit dem 3'-PCR Primer C5Rrück (5'-GTCCCAGGGCACGCACACCAG-3', cDNA-Position 245 bis 225) kombiniert. Als Kontrolle wurde zusätzlich zu den Oligo-dTund GSP13-geprimten cDNAs auch genomische DNA für die PCR eingesetzt. Wie in Fig. 9 gezeigt, wurde nur mit den Primerkombinationen HTRT5B-C5Rrück, C5S-C5Rrück und PRO-TEST1-C5Rrück ein PCR-Produkt erhalten, was darauf hinweist, daß der Startpunkt der hTC-Transkription in der Region zwischen bp-60 und bp-105 liegt.

Beispiel 8

20

25

30

5

10

15

In der ca. 11,2 kb isolierten 5'-flankierenden Region des hTC-Gens befinden sich mehrere extrem GC-reiche Bereiche, sog. CpG Islands. Ein CpG Islands mit einem GC-Gehalt von > 70 % reicht von bp – 1214 bis in Intron 2. Zwei weitere GC-reiche Bereiche mit einem GC-Gehalt von > 60 % reichen von bp –3872 bis bp –3113 bzw. bp –5363 bis bp –3941. Die Lage der CpG Islands ist in der Fig. 11 graphisch dargestellt.

Die Suche nach möglichen Transkriptionsfaktorbindungstellen wurde mit dem "Find Pattern"-Algorithmuses aus dem "GCG Sequenz Analysis" Programmpacket der "Genetics Computer Group" (Madison, USA) durchgeführt. Dadurch wurden verschiedene potentielle Bindungsstellen in der Region bis -900 bp upstream vom

Translations-Startcodon ATG indentifiziert: fünf Sp1-Bindungsstellen, eine c-Myc-Bindungsstelle, eine CCAC-Box (Fig. 10). Zusätzlich wurden eine CCAAT-Box und eine zweite c-Myc-Bindungsstelle an den Positionen –1788 bzw. –3995 der 5'-flankierenden Region gefunden.

5

10

15

20

25

30

Beispiel 9

Um die Aktivität des hTC-Promotors zu analysieren, wurden durch PCR-Amplifikation vier verschieden lange hTC-Promotorsequenzabschnitte generiert und 5' vor das Reportergen Luziferase in den Vektor pGL2 der Fa. Promega kloniert. Als DNA-Quelle für die PCR-Amplifikation wurde das aus dem Phagenklon P12 subklonierte, 8,5 kb große SacI-Fragment gewählt. In einem Endvolumen von 50 µl wurden 35 ng dieser DNA mit 10 pmol dNTP-Mix versetzt und in 1xPCR-Reaktionspuffer (PCR-Optimizer Kit der Fa. InVitrogen) und einem Unit Platinum-Taq-DNA Polymerase (Fa. Gibco/BRL) eine PCR-Reaktion durchgeführt. Als Primer wurden jeweils 20 pmol der nachfolgend definierten 5'- und 3'-Primer zugefügt. Die PCR wurde in 3 Schritten durchgeführt. An eine zweiminütige Denaturierung bei 94°C schlossen sich 30 PCR-Zyklen an, in denen die DNA zunächst für 45 sec bei 94°C denaturiert wurde und anschließend für 5 min bei 68°C die Primer angelagert und die DNA-Kette verlängert wurde. Zum Abschluß folgte für 10 min eine Kettenverlängerung bei 68°C. Als 3'-PCR-Primer wurde jeweils der Primer PK-3A (5'-GCAAGCTTGACGCAGCGCTGCCTGAAACTCG-3', Position -43 bis -65) gewählt, der einen Sequenzbereich 42 bp upstream vom START-Codon ATG erkennt. Durch Kombination des PK-3A-Primers mit dem 5'-PCR-Primer PK-5B (5'-CCAGATCTCTGGAACACAGAGTGGCAGTTTCC-3', Position -4093 bis -4070) wurde ein 4051 bp großes Promotor-Fragment amplifiziert (NPK8). Die Kombination PK-3A des Primerpaares und PK-5C (5'-CCAGATCTGCATGAAGTGTGTGGGGGATTTGCAG-3', Position -3120 3096) führte zur Amplifikation eines 3078 bp großen Promotorfragmentes (NPK15). Ein 2068 bp großes Promotorfragment wurde durch die Verwendung der Primerkombination PK-3A PK-5D (5'und

GGAGATCTGATCTTGGCTTACTGCAGCCTCTG-3', Position –2110 bis -2087) amplifziert (NPK22). Der Einsatz der Primerkombination PK-3A und PK-5E (5'-GGAGATCTGTCTGGATTCCTGGGAAGTCCTCA-3', Position –1125 bis -1102) führte schließlich zur Amplifikation eines 1083 bp großen Promotorfragmentes (NPK27). Der PK-3A Primer enthält eine HindIII Erkennungssequenz. Die verschiedenen 5'-Primer enthalten eine BglII-Erkennungssequenz.

Die entstandenen PCR-Produkte wurden mit Hilfe des QIA quick spin PCR Purification Kits der Fa. Qiagen nach Angaben der Hersteller aufgereinigt und anschließend mit den Restriktionsenzymen BglII und HindIII verdaut. Mit den gleichen Restriktionsenzymen wurde der pGL2-Promotor-Vektor verdaut und der in diesem Vektor enthaltene SV40-Promotor freigesetzt und abgetrennt. Die PCR-Promotorfragmente wurden in den Vektor ligiert, in kompetente DH5α-Bakterien der Fa. Gibco/BRL transformiert. Aus transformierten Bakterienklonen wurde DNA für die nachfolgend beschriebenen Promotor-Aktivitäts-Analysen mit Hilfe des Qiagen Plasmid-Kits der Fa. Qiagen isoliert.

Beispiel 10

4

Die Aktivität des hTC-Promotors wurde in transienten Transfektionen in eukaryotischen Zellen analysiert.

Alle Arbeiten mit eukaryotischen Zellen erfolgten an einem sterilen Arbeitsplatz. CHO-K1 und HEK 293 Zellen wurden von der American Type Culture collection bezogen.

CHO-K1 Zellen wurden in DMEM Nut Mix F-12 Zellkulturmedium (Fa. Gibco-BRL, Bestellnummer: 21331-020) mit 0,15 % Streptomycin/Penezillin, 2 mM Glutamin und 10 % FCS (Fa. Gibco-BRL) gehalten.

25

5

10

20

25

4

HEK 293 Zellen wurden in DMOD Zellkulturmedium (Fa. Gibco-BRL, Bestellnummer: 41965-039) mit 0,15 % Streptomycin/Penizillin, 2 mM Glutamin und 10 % FCS (Fa. Gibco-BRL) kultiviert.

5 CHO-K1 und HEK 293 Zellen wurden in wasssergesättigter Atmosphäre bei 37°C unter Begasung mit 5 % CO₂ kultiviert. Bei konfluentem Zellrasen wurde das Medium abgesaugt, die Zellen mit PBS (100 mM KH₂PO₄ pH 7,2; 150 mM NaCl) gewaschen und durch Zugabe einer Trypsin-EDTA Lösung (Fa. Gibco-BRL) abgelöst. Das Trypsin wurde durch Mediumzugabe inaktiviert und die Zellzahl mit einer Neubauer-Zählkammer ermittelt, um die Zellen in gewünschter Dichte auszuplattieren.

Für die Transfektion wurden pro Well jeweils 2x 10⁵ -HEK 293 Zellen in einer 24well Zellkulturplatte ausplattiert. Nach 3 Stunden wurde das HEK 293 Medium entfernt. Für die Transfektion wurden bis zu 2,5 µg Plasmid-DNA, 1 µg eines CMV ß-Gal Plasmidkonstruktes (Fa. Stratagene, Bestellnummer: 200388), 200 µl serumfreies Medium und 10 µl Transfektionsreagenz (DOTAP der Fa. Boehringer Mannheim) für 15 Minuten bei Raumtemperatur inkubiert und anschließend auf die HEK 293 Zellen gleichmäßig aufgetropft. Nach 3 Stunden wurden 1,5 ml Medium hinzugegeben. Nach 20 Stunden wurde das Medium gewechselt. Nach weiteren 24 Stunden wurden die Zellen zur Bestimmung der Luziferase- und der ß-Gal-Aktivität geerntet. Dazu wurden die Zellen im Zellkultur-Lysisreagenz (25 mM Tris [pH 7,8] mit H₃PO₄; 2 mM CDTA; 2 mM DTT; 10% Glycerol; 1% Triton X-100) für 15 Minuten bei Raumtemperatur lysiert. Zwanzig µl dieses Zellysats wurden mit 100 µl Luziferase-Assaypuffer (20 mM Tricin; 1,07 mM (MgCO₃)₄ Mg(OH)₂·5H₂O; 2,67 mM MgSO₄; 0,1 mM EDTA; 33,3 mM DTT; 270 μM Coenzym A; 470 μM Luciferin, 530 µM ATP) gemischt und das durch die Luziferase generierte Licht gemessen.

Zur Messung der β-Galaktosidaseaktivität wurden gleiche Mengen Zellysat und β-Galaktosidase-Assaypuffer (100 mM Natriumphosphatpuffer pH 7,3; 1 mM MgCl₂;

15

4

50 mM β-Merkaptoethanol; 0,665 mg/ml ONPG) für mindestens 30 Minuten bei 37°C oder bis eine leichte Gelbfärbung auftrat, inkubiert. Die Reaktion wurde durch Zugabe von 100 μl 1 M Na₂CO₃ gestoppt und die Absorption bei 420 nm bestimmt.

Für die Analyse des hTC-Promotors wurden vier verschieden lange hTC-Promotorsequenzabschnitte 5' vor das Reportergen Luziferase kloniert (vergl. Beispiel 9).

In der Fig. 11 sind die relativen Luziferase Aktivitäten zweier unabhängiger Transfektionen mit den Konstrukten NPK8, NPK15, NPK22 und NPK27 in HEK 293 Zellen aufgetragen. Jedes Experiment wurde in Duplikaten durchgeführt. Darüberhinaus wurde die Standardabweichung angegeben. Das Konstukt NPK 27 zeigt eine 40fach höhere Luziferaseaktivität als die Basalaktivität des promotorlosen Luziferase-Kontrollkonstrutes (pGL2-basic) und eine 2 bis 3fach höhere Aktivität als das SV40 Promotorkontroll-Konstrukt (pGL2PRO). Interessanterweise wurde im Vergleich zu dem Konstrukt NPK27 eine 2 bis 3fach geringere Luziferaseaktivität in mit längeren hTC Promotorkonstukten (NPK8, NPK15, NPK22) transfizierten Zellen beobachtet. Ähnliche Ergebnisse wurden auch in CHO Zellen beobachtet (Daten nicht gezeigt).

Literaturvereichnis

Allsopp, R. C., Vazire, H., Pattersson, C., Goldstein, S., Younglai, E.V., Futcher, A.B., Greider, C.W. und Harley, C.B. (1992). Telomere length predicts replicative capacity of human fibroblasts. Proc. Natl. Acad. Sci. 89, 10114-10118.

Ausubel, F.M., Brent, R., Kingston, R.E., Moore, D.D., Seidman, J.G., Smith, J.A., Struhl, K. (1987). Current protocols in molecular biology. Greene Publishing Associates and Whiley-Intersciences, New York.

10

5

Blasco, M. A., Rizen, M., Greider, C. W. und Hanahan, D. (1996). Differential regulation of telomerase activity and telomerase RNA during multistage tumorigenesis. Nature Genetics 12, 200-204.

Broccoli, D., Young, J. W. und deLange, T. (1995). Telomerase activity in normal and malignant hematopoietic cells. Proc. Natl. Acad. Sci. 92, 9082-9086.

Counter, C. M., Avilion, A. A., LeFeuvre, C. E., Stewart, N. G. Greider, C.W. Harley, C. B. und Bacchetti S. (1992). Telomere shortening associated with chromosome instability is arrested in immortal cells which express telomerase activity. EMBO J. 11, 1921-1929.

Feng, J., Funk, W. D., Wang, S.-S., Weinrich, S. L., Avilion, A.A., Chiu, C.-P., Adams, R.R., Chang, E., Allsopp, R.C., Yu, J., Le, S., West, M.D., Hariey, C.B., Andrews, W.H., Greider, C.W. und Villeponteau, B. (1995). The RNA component of human telomerase. Science 269, 1236-1241.

Geng, Y., and Johnson, L.F. (1993). Lack of an initiator element is responsible for multiple transcriptional initiation sites of the TATA less mouse thymidine synthasse promoter. Mol. Cell. Biol 14:4894.

30

20

25

Goldstein, S. (1990). Replicative senescence: The human fibroblast comes of age. Science 249, 1129-1133.

Harley, C.B., Futcher, A.B., Greider, C.W., 1990. Telomeres shorten during ageing of human fibroblasts. Nature 345, 458-460.

- Hastie, N. D., Dempster, M., Dunlop, M. G., Thompson, A. M., Green, D.K. und Allshire, R.C. (1990). Telomere reduction in human colorectal carcinoma and with ageing. Nature 346, 866-868.
- Hiyama, K., Hirai, Y., Kyoizumi, S., Akiyama, M., Hiyama, E., Piatyszek, M.A., Shay, J.W., Ishioka, S. und Yamakido, M. (1995). Activation of telomerase in human lymphocytes and hematopoietic progenitor cells. J. Immunol. 155, 3711-3715.
- Kim, N.W., Piatyszek, M.A., Prowse, K.R., Harley, C. B., West, M.D., Ho, P.L.C., Coviello, G.M., Wright, W.E., Weinrich, S.L. und Shay, J.W. (1994). Specific association of human telomerase activity with immortal cells and cancer. Science 266, 2011-2015.
 - Latchman, D.S. (1991). Eukaryotic transcription factors. Academic Press Limited, London.
- Lingner, J., Hughes, T.R., Shevchenko, A., Mann, M., Lundblad, V. und Cech T.R. (1997).
 Reverse transcriptase motifs in the catalytic subunit of telomerase. Science 276: 561-567.
 - Lundblad, V. und Szostak, J. W. (1989). A mutant with a defect in telomere elongation leads to senescence in yeast. Cell 57, 633-643.
 - McClintock, B. (1941). The stability of broken ends of chromosomes in *Zea mays*. Genetics 26, 234-282.
- Meyne, J., Ratliff, R. L. und Moyzis, R. K. (1989). Conservation of the human telomere sequence (TTAGGG)_n among vertebrates. Proc. Natl. Acad. Sci. 86, 7049-7053.
 - Olovnikov, A. M. (1973). A theory of marginotomy. J. Theor. Biol. 41, 181-190.
- Sandell, L. L. und Zakian, V. A. (1993). Loss of a yeast telomere: Arrest, recovery and chromosome loss. Cell 75, 729-739.
 - Shapiro, M.B., Senapathy, P., 1987. RNA splice junctions of different classes of eukaryotes: sequence statistics and functional implications in gene expression. Nucl. Acids Res. 15, 7155-7174.
- Smale, S.T. and Baltimore, D. (1989). The "initiator" as a transcription control element. Cell 57:103-113.

Smale, S.T. (1997). Transcription initation from TATA-less promoters within eukaryotic protein-coding genes. Biochimica et Biophysica Acta 1351, 73-88.

Shay, J. W. (1997). Telomerae and Cancer. Ciba Foundation Meeting: Telomeres and Telomerase. London.

Vaziri, H., Dragowska, W., Allsopp, R. C., Thomas, T. E., Harley, C.B. und Landsdorp, P.M. (1994). Evidence for a mitotic clock in human hematopoietic stem cells: Loss of telomeric DNA with age. Proc. Natl. Acad. Sci. 91, 9857-9860.

Wick, M., Härönen, R., Mumberg, D., Bürger, C., Olsen, B.R., Budarf, M.L., Apte, S. S. and Müller, R. (1995). Structure of the human TIMP-3 gene and its cell-cycle-regulated promoter. Biochemical Jornal 311, 549-554.

15

10

Zakian, V. A. (1995). Telomeres: Beginning to understand the end. Science 270, 1601-1607.

Patentansprüche

 Regulatorische DNA-Sequenzen für das Gen der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit.

5

 DNA-Sequenzen gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß es sich um Intronsequenzen gemäß SEQ ID NO 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19 und/oder 20 oder um regulatorisch wirksame Fragmente dieser Sequenzen handelt.

10

3. DNA-Sequenzen gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß es sich um die 5'-flankierende regulatorische DNA-Sequenz für das Gen der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit gemäß Fig. 10 (SEQ ID NO 3) oder um regulatorisch wirksame Fragmente dieser DNA-Sequenz handelt.

15

- 4. Rekombinantes Konstrukt, enthaltend eine DNA-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 3.
- 5. Rekombinantes Konstrukt gemäß Anspruch 4, dadurch gekennzeichnet, daß
 20 es weiterhin eine oder mehrere DNA-Sequenzen enthält, die für Polypeptide
 oder Proteine kodieren.
 - 6. Vektor, enthaltend ein rekombinantes Konstrukt gemäß Anspruch 4 oder 5.
- Verwendung von rekombinanten Konstrukten bzw. Vektoren gemäß einem der Ansprüche 4 bis 6 zur Herstellung von Arzneimitteln.
 - Rekombinante Wirtszellen, enthaltend rekombinante Konstrukte bzw. Vektoren gemäß einem der Ansprüche 4 bis 6.

:

- 9. Verfahren zur Identifizierung von Substanzen, die die Promotor-, Silenceroder Enhanceraktivität der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit
 beeinflussen, das folgende Schritte umfaßt:
- 5 A. Zugabe einer Kandidatensubstanz zu einer Wirtszelle, enthaltend DNA-Sequenzen gemäß einem der Ansprüche 1 bis 3, funktionell verknüpft mit einem Reportergen,
 - B. Messung des Substanzeffektes auf die Reportergenexpression.

10

15

- 10. Verfahren zur Identifizierung von Faktoren, die spezifisch an die DNA gemäß einem der Ansprüche 1 bis 3 oder an Fragmente davon binden, dadurch gekennzeichnet, daß man eine Expressions-cDNA-Bibliothek mit einer DNA-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 3 oder Teilfragmenten unterschiedlichster Länge als Sonde screent.
- Transgene Tiere, enthaltend rekombinante Konstrukte bzw. Vektoren gemäß
 Ansprüchen 4 bis 6.
- 20 12. Verfahren zur Detektion Telomerase-assoziierter Zustände bei einem Patienten, das folgende Schritte umfaßt:
 - A. Inkubation eines rekombinanten Konstruktes bzw. Vektors gemäß Ansprüchen 4 bis 6 das bzw. der zusätzlich ein Reportergen enthält mit Körperflüssigkeiten oder zellulären Proben,
 - B. Detektion der Reportergenaktivität, um einen diagnostischen Wert zu erhalten,

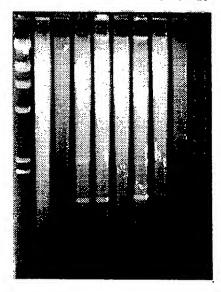
C. Vergleich des diagnostischen Wertes mit Standardwerten für das Reportergenkonstrukt in standardisierten normalen Zellen oder Körperflüssigkeiten des gleichen Typs wie die Testprobe.

1 / 15

Fig. 1

A B

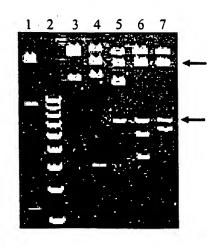
1 2 3 4 5 6 7 8 9 10



1 2 3 4 5 6 7 8 9 10



Fig. 2



3 / 15

Fig. 3

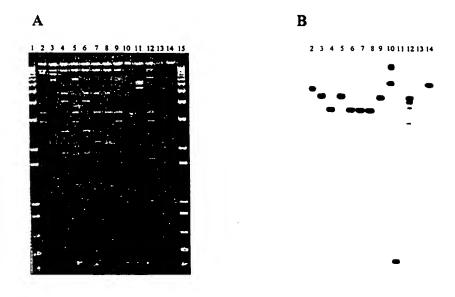


Fig. 4 :

0-							
GAGCTCTGAA	CCGTGCAAAC	GAACATGACC	CTTGCCTGCC	TGCTTCCCTG	GGTGGGTCAA	GGGTAATGAA	70
GTGGTGTGCA	GGAAATGGCC	ATGTAAATTA	CACGACTCTG	CTGATGGGGA	CCGTTCCTTC	CATCATTATT	140
CATCTTCACC	CCCAAGGACT	GAATGATTCC	AGCAACTTCT	TCGGGTGTGA	CAAGCCATGA	CAAAACTCAG	210
TACAAACACC	ACTCTTTTAC	TAGGCCCACA	GAGCACGGGC	CACACCCCTG	ATATATTAAG	AGTCCAGGAG	280
AGATGAGGCT	GCTTTCAGCC	ACCAGGCTGG	GGTGACAACA	GCGGCTGAAC	AGTCTGTTCC	TCTAGACTAG	350
TAGACCCTGG	CAGGCACTCC	CCCAAATTCT	AGGGCCTGGT	TGCTGCTTCC	CGAGGGCGCC	ATCTGCCCTG	420
GAGACTCAGC	CTGGGGTGCC	ACACTGAGGC	CAGCCCTGTC	TCCACACCCT	CCGCCTCCAG	GCCTCAGCTT	490
CTCCAGCAGC	TTCCTAAACC	CTGGGTGGGC	CGTGTTCCAG	CGCTACTGTC	TCACCTGTCC	CACTGTGTCT	560
TGTCTCAGCG	ACGTAGCTCG	CACGGTTCCT	CCTCACATGG	GGTGTCTGTC	TCCTTCCCCA	ACACTCACAT	630
GCGTTGAAGG	GAGGAGATTC	TGCGCCTCCC	AGACTGGCTC	CTCTGAGCCT	GAACCTGGCT	CGTGGCCCCC	700
GATGCAGGTT	CCTGGCGTCC	GGCTGCACGC	TGACCTCCAT	TTCCAGGCGC	TCCCCGTCTC	CTGTCATCTG	770
CCGGGGCCTG	CCGGTGTGTT	CTTCTGTTTC	TGTGCTCCTT	TCCACGTCCA	CCTCCCTCTC	TCTCTGCCCG	840
CTAGGGTCTC	GGGGTTTTTA	TAGGCATAGG	ACGGGGGGCGT	GGTGGGCCAG	GGCGCTCTTG	GGAAATGCAA	910
CATTTGGGTG	TGAAAGTAGG	AGTGCCTGTC	CTCACCTAGG	TCCACGGGCA	CAGGCCTGGG	GATGGAGCCC	980
CCGCCAGGGA	CCCCCCTTC	TCTGCCCAGC	ACTITCCTGC	CCCCCTCCCT	CTGGAACACA	CACTGGCAGT	1050
TTCCACAAGC	ACTAAGCATC	CTCTTCCCAA	AAGACCCAGC	ATTGGCACCC	CIGGACATIT	GCCCCACAGC	1120
CCTGGGAATT	CACGTGACTA	CGCACATCAT	GTACACACTC	CCGTCCACGA	CCCACCCCC	CTGTTTTATT	1190
TTAATAGCTA	CAAAGCAGGG	AAATCCCTGC	TAAAATGTCC	TTTAACAAAC	TGGTTAAACA	AACGGGTCCA	1260
TCCGCACGGT	GCACAGTTCC	TCACAGTGAA	GAGGAACATG	CCGTTTATAA	AGCCTGCAGG	CATCTCAAGG	1330
GAATTACGCT	GAGTCAAAAC	TGCCACCTCC	ATGGGATACG	TACGCAACAT	GCTCAAAAAG	AAAGAATTTC	1400
ACCCCATGGC	AGGGGAGTGG	TTAGGGGGGT	TAAGGACGGT	GGGGGCGCA	CCTGGGGGCT	ACTGCACGCA	1470
CCTTTTACTA	AAGCCAGTTT	CCTGGTTCTG	ATGGTATTGG	CTCAGTTATG	GGAGACTAAC	CATAGGGGAG	1540
TGGGGATGGG	GGAACCCGGA	GGCTGTGCCA	TCTTTGCCAT	GCCCGAGTGT	CCTGGGCAGG	ATAATGCTCT	1610
ALAGATGCCC	ACGTCCTGAT	TCCCCCAAAC	CTGTGGACAG	AACCCGCCCG	GCCCCAGGGC	CTTTGCAGGT	1680
						GTAATCCAGG	
CCCTCARARC	AGAGGCGGGC	AGGAGGGTCA	GAGGGGGCA	GCCTCAGGAC	GATGGAGGCA	GTCAGTCTGA	1820
						AAGCGGGGAA	
						ATCGTGGACC	
						ATTTGCAGAA	
CACCCCTCAA	CTCCCTCCCC	COLLCOOL	GGATTATTTC	AAAACAAAGG	TTTACAGAAA	CATCCAAGGA TTATTTTATT	2100
THE CHARGE TARGET	CTCRCRCRCRCR	COMPAGGGGGG	GGCAGGCACG	AGTGATTTTA	TTTAGCTATT	TEATTTTATE	2170
						GATTTCAGGC	
						GTCAAGCTGA	
						AGGCATGAGC	
						GTARGGAGTT	
						TTCGTAGACT	
						CCCACTGCAG	
						CTGATGTAGA	
						GTAGAAATTA	
						AGGAGTTCCT	
						CTGTTTCATT	
						AGTGCAATGG	
						CTCCCATTTG	
						GGGGGTGGGT	
GGGGTTCACC	ATCTTGGCCA	GGCTGGTCTC	GAACTTCTGA	CCTCAGATGA	TCCACCTGCC	TCTGCCTCCT	3220
						AACATCTGGG	
TCTGAGGTAG	GAAGCTCACC	CCACTCAAGT	GTTGTGGTGT	TTTAAGCCAA	TGATAGAATT	TTTTTATTGT	3360
						ACACACTAAC	
						CGTTTCCTCG	
CCATGCACAT	GGTGTTAATT	ACTCCAGCAT	AATCTTCTGC	TICCATTICI	TCTCTTCCCT	CTTTTAAAAT	3570
TGTGTTTTCT	ATCTTCCCTT	CTCTGCAGAG	AACCAGTGTA	AGCTACAACT	TAACTTTTGT	TGGAACAAAT	3640
TTTCCAAACC	CCCCTTTCC	CCTAGTGGCA	GAGACAATTC	ACAAACACAG	CCCTTIAAAA	AGGCTTAGGG	3710
ATCACTAAGG	GGATTTCTAG	AAGAGCGACC	TGTAATCCTA	AGTATTTACA	AGACGAGGCT	AACCTCCAGC	3780
GAGCGTGACA	GCCCAGGGAG	GGTGCGAGGC	CTGTTCAAAT	GCTAGCTCCA	TAXATAXAGC	AATTTCCTCC	3850
GGCAGTTTCT	GRARGTAGGA	AAGGTTACAT	TTAAGGTTGC	GTTTGTTAGC	ATTTCAGTGT	TTGCCGACCT	3920
AACCOCCA	ATCCCTGCAA	GCCTCGGGA	CACCCAGAAG	TTTCTCGCCC	CCTTAGATCC	AAACTTGAGC	3990
COLOR	CTGGATTCCT	GGRAGTCCT	CAGCTGTCCT	GCGGTTGTGC	CGGGGCCCCA	GGTCTGGAGG	4060
CCACCCACC	COMPAN	TCTACTGCTG	GGCTGGAAGT	CGGGCCTCCT	AGCTCTGCAG	TCCGAGGCTT	4130
CATCTCCA	ACRORAGES	COCCCCC	CTCCACCCTG	TGCGGGGGGG	ATGTGACCAG	ATGTTGGCCT CCGGTGCGCG	4200
CCCTCCTUC	CCCCCTCCC	CONTRACTOR	GTCAAGGCCG	TTGTGGCTGG	TGTGAGGCGC	CCGGTGCGCG GATTAACAGA	4270
TTTGGGGTGG	TTTCCTCATC	GTGGGGACCC	CCCITICICS	CACAACCTCC	AAACACAA	GACGGGCCTG	4410
TGTCAAGGAG	CCCAACTCCC	CCCCAACTC	TECRECERCE	CACHCCCCC	CCTCCCCCC	GCCCGTCCAG	4410
GGAGCAATGC	GICCTCCCC	TCGTCCCCAC		CUCULTUCATOR CONTRACTOR CONTRACTO	CCTCCCCCCC	ACGTCCGCA	4550
TTCGTGGTGC	CCGGAGCCCC	ACGCCCCCC	TCCGGACCTC	GAGGCAGCCC	TEGGTCTCC	GATCAGGCCA	4620
GCGGCCAAAC	GTCCCCC	CGCACCTGTT	CCCAGGGGGT	CCACATCATC	GCCCCTCCCT	CEGETTACCC	4690

5 / 15

Fig. 4 (Fortsetzung)

CACAGCCTAG	GCCGATTCGA	CCTCTCTCCG	CTGGGGCCCT	CGCTGGCGTC	CCTGCACCCT	GGGAGCGCGA	4760
CCCCCCCCC	GGCGGGGAAG	CGCGGCCCAG	ACCCCCGGGT	CCGCCCGGAG	CAGCTGCGCT	GTCGGGGCCA	4830
GCCCGGCTC	CCAGTGGATT	CGCGGGCACA	GACGCCCAGG	ACCGCGCTCC	CCACGTGGCG	CACCCACTCC	4900
GGACCCGGGC	ACCCGTCCTG	CCCCTTCACC	TTCCAGCTCC	GCCTCCTCCG	CGCGGACCCC	GCCCCGTCCC	4970
					CCCCTTCCTT		
CGCCCTCTCC	TCGCGGCGCG	AGTTTCAGGC	AGCGCTGCGT	CCTGCTGCGC	ACGTGGGAAG	CCCTGGCCCC	5110
GGCCACCCCC	GCG <u>ATG</u>						5126

Fig. 5

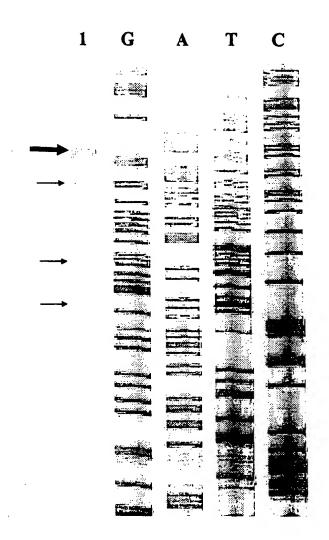
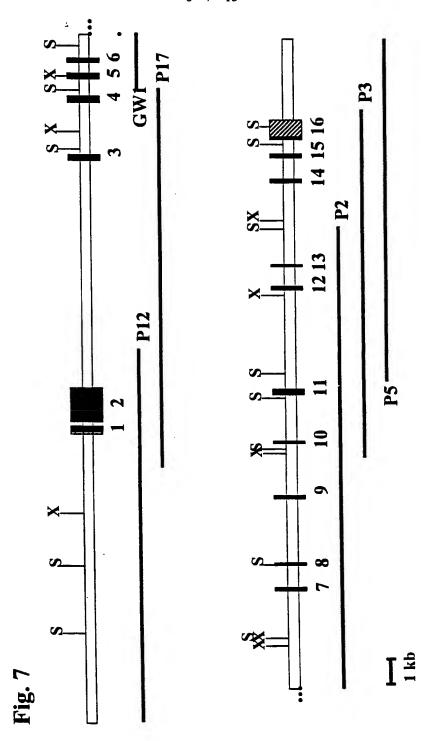
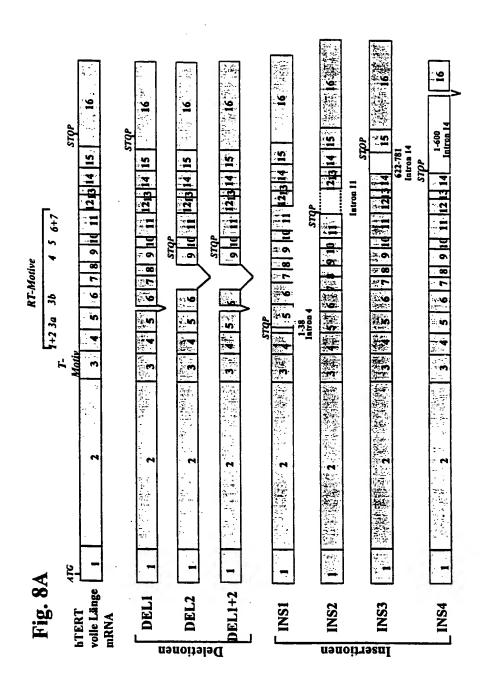


Fig. 6

GTTTCAGGCA	GCGCTGCGTC	CTGCTGCGCA	CGTGGGAAGC	CCTGGCCCCG	GCCACCCCCG	CGATGCCGCG	70
CGCTCCCCCC	TGCCGAGCCG	TGCGCTCCCT	GCTGCGCAGC	CACTACCGCG	AGGTGCTGCC	GCTGGCCAC	140
					CCCGGCGGCT		210
TGGTGGCCCA	GTGCCTGGTG	TGCGTGCCCT	GGGACGCACG	GCCGCCCCC	GCCGCCCCT	CCTTCCGCCA	280
					AGCGCGGCGC		350
					GGCCTTCACC		420
					TEGEGECTEC		490
CGTGGGCGAC	GACGTGCTGG	TTCACCTGCT	GGCACGCTGC	GCGCTCTTTG	TECTEGTESC	TCCCAGCTGC	560
GCCTACCAGG	TGTGCGGGCC	GCCGCTGTAC	CAGCTCGGCG	CTGCCACTCA	GCCCGCCC	CCGCCACACG	630
CTAGTGGACC	CCGAAGGCGT	CTGGGATGCG	AACGGGCCTG	GAACCATAGC	GTCAGGGAGG	CCGGGGTCCC	700
					GAAGTCTGCC		770
					GGGGTCCTGG		840
					AGACCCGCCG		910
CTCTTTGGAG	GCTGCGCTCT	CTGGCACGCG	CCACTCCCAC	CCATCCGTGG	GCCGCCAGCA	CCACGCGGGC	980
					GGTGTACGCC		1050
ACTTCCTCTA	CTCCTCAGGC	GACAAGGAGC	AGCTGCGGCC	CTCCTTCCTA	CTCAGCTCTC	TGAGGCCCAG	1120
CCTGACTGGC	GCTCGGAGGC	TCGTGGAGAC	CATCTTTCTG	GGTTCCAGGC	CCTGGATGCC	AGGGACTCCC	1190
					TCTGGAGCTG		
					GCTGCGGTCA		
CGGTGTCTGT	GCCCGGGAGA	AGCCCCAGGG	CTCTGTGGCG	CCCCCCAGG	AGGAGGACAC	AGACCCCCGT	1400
					CTTCGTGCGG		
					TTCCTCAGGA		
GTTCATCTCC	CTGGGGAAGC	ATGCCAAGCT	CTCGCTGCAG	CACCTGACGT	GGAAGATGAG	CGTGCGGGAC	1610
					GCACCGTCTG		
					CTCAGGTCTT		
					TCTGGAGCAA		
					AGCAGAGGTC		
					CCTGACGGGC		
					GGGCCGAGCG		
					CGGCCTCCTG		
					GTGCGGGCCC		
					TCCCCCAGGA		
GAGGTCATCG	CCAGCATCAT	CAAACCCCAG	AACACGTACT	GCGTGCGTCG	GTATGCCGTG	GTCCAGAAGG	2310
CCGCCCATGG	GCACGTCCGC	AAGGCCTTCA	AGAGCCACGT	CTCTACCTTG	ACAGACCTCC	AGCCGTACAT	2380
GCGACAGTTC	GTGGCTCACC	TGCAGGAGAC	CAGCCCGCTG	AGGGATGCCG	TCGTCATCGA	GCAGAGCTCC	2450
TCCCTGAATG	AGGCCAGCAG	TEGCCTCTTC	GACGTCTTCC	TACGCTTCAT	GTGCCACCAC	GCCGTGCGCA	2520
TCAGGGGCAA	GTCCTACGTC	CAGTGCCAGG	GGATCCCGCA	GGGCTCCATC	CTCTCCACGC	TECTCTECAG	2590
					ACGGGCTGCT		
GTGGATGATT	TCTTGTTGGT	GACACCTCAC	CTCACCCACG	CGAAAACCTT	CCTCAGGACC	CTGGTCCGAG	2730
GTGTCCCTGA	GTATGGCTGC	GTGGTGAACT	TGCGGAAGAC	AGTGGTGAAC	TTCCCTGTAG	AAGACGAGGC	2800
CCTGGGTGGC	ACGGCTTTTG	TTCAGATGCC	GGCCCACGGC	CTATTCCCCT	GGTGCGGCCT	GCTGCTGGAT	2870
					CATCAGAGCC		
TCAACCGCGG	CTTCAAGGCT	GGGAGGAACA	TGCGTCGCAA	ACTCTTTGGG	GTCTTGCGGC	TGAAGTGTCA	3010
CAGCCTGTTT	CTGGATTTGC	AGGTGAACAG	CCTCCAGACG	GTGTGCACCA	ACATCTACAA	CATCCTCCTG	3080
CTGCAGGCGT	ACAGGTTTCA	CCCATGTGTG	CTGCAGCTCC	CATTTCATCA	GCAAGTTTGG	AAGAACCCCA	3150
CATTTTTCCT	GCGCGTCATC	TCTGACACGG	CCTCCCTCTG	CIACTCCATC	CTGAAAGCCA	AGAACGCAGG	3220
CATCTCCCTG	GGGGCCAAGG	GCGCCGCCGG	CCCTCTGCCC	TCCGAGGCCG	TGCAGTGGCT	GTGCCACCAA	3290
GCATTCCTGC	TCAAGCTGAC	TCGACACCGT	GTCACCTACG	TGCCACTCCT	GGGGTCACTC	AGGACAGCCC	3360
AGACGCAGCT	GAGTCGGAAG	CTCCCGGGGA	CGACGCTGAC	TGCCCTGGAG	GCCGCAGCCA	ACCCGGCACT	3430
GCCCTCAGAC	TTCAAGACCA	TCCTGGACTG	ATGGCCACCC	GCCCACAGCC	AGGCCGAGAG	CAGACACCAG	3500
CAGCCCTGTC	ACGCCGGGCT	CTACGTCCCA	GGGAGGGAGG	GGCGGCCCAC	ACCCAGGCCC	GCACCGCTGG	3570
					AGGCTGAGTG		
GCCTGAGCGA	GTGTCCAGCC	AAGGGCTGAG	TGTCCAGCAC	ACCTGCCGTC	TTCACTTCCC	CACAGGCTGG	3710
					CACTCCCCAC		
TCCATCCCCA	GATTCGCCAT	TGTTCACCCC	TCGCCCTGCC	CTCCTTTGCC	TTCCACCCC	ACCATCCAGG	3850
TGGAGACCCT	GAGAAGGACC	CTGGGAGCTC	TGGGAATTTG	GAGTGACCAA	AGGTGTGCCC	TGTACACAGG	3920
					GTGCTGTGGG	AGTAAAATAC	3990
TGAATATATG	AGTTTTTCAG	TTTTGAAAAA	AAAAAAAA	AAAAAAAAA	. AA		4042

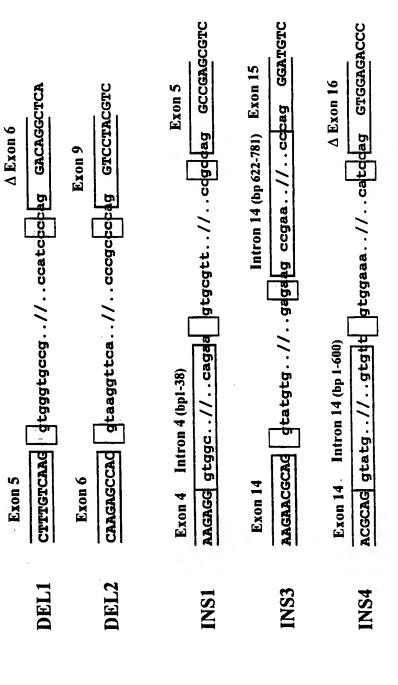


ERSATZBLATT (REGEL 26)

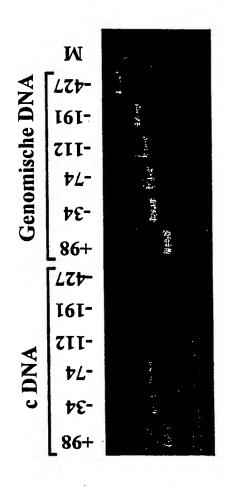


ERSATZBLATT (REGEL 26)

Fig. 8B



ERSATZBLATT (REGEL 26)



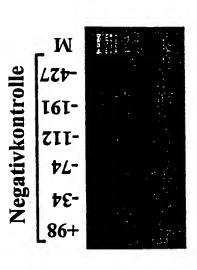


Fig. 9

Fig. 10

ACTTGAGCCC.	AAGAGTTCAA	GGCTACGGTG	AGCCATGATT	GCAACACCAC	ACGCCAGCCT	TGGTGACAGA	-11204
ATGAGACCCT	GTCTCAAAAA	AAAAAAAAA	AATTGAAATA	ATATAAAGCA	TCTTCTCTGG	CCACAGTGGA	-11134
ACAAAACCAG	AAATCAACAA	CAAGAGGAAT	TTTGAAAACT	ATACAAACAC	ATGAAAATTA	AACAATATAC	-11064
TTCTGAATGA	CCAGTGAGTC	AATGAAGAAA	TTAAAAAGGA	AATTGAAAAA	TTTATTTAAG	CAAATGATAA	-10994
CGGAAACATA	ACCTCTCAAA	ACCCACGGTA	TACAGCAAAA	GCAGTGCTAA	GAAGGAAGTT	TATAGCTATA	-10924
AGCAGCTACA	TCAAAAAAGT	AGAAAAGCCA	GGCGCAGTGG	CTCATGCCTG	TAATCCCAGC	ACTTTGGGAG	-10854
GCCAAGGCGG	GCAGATCGCC	TGAGGTCAGG	AGTTCGAGAC	CAGCCTGACC	AACACAGAGA	AACCTTGTCG	-10784
CTACTAAAAA	TACAAAATTA	GCTGGGCATG	GTGGCACATG	CCTGTAATCC	CAGCTACTCG	GGAGGCTGAG	-10714
GCAGGATAAC	CGCTTGAACC	CAGGAGGTGG	AGGTTGCGGT	GAGCCGGGAT	TGCGCCATTG	GACTCCAGCC	-10644
CATCCACCER	GAGTGAAACC	CTGTCTCAAG	AAAAAAAAA	AAGTAGAAAA	ACTTAAAAAT	ACAACCTAAT	-10574
ANGRECACCIT	AAAGAACTAG	AAAAGCAAGA	GCAAACTAAA	CCTAAAATTG	GTAAAAGAAA	AGAAATAATA	-10504
TTTTCABAAC	CAGAAATAAA ATAAACAAAA	TGAAACTGAA	AGATAACAAT	ACAAAAGATC	AACAAAATTA	AAAGTTGGTT	-10434
ATABACTCAC	AGATGAAAAA	ACACACACACC	CDACTCATAC	CTAAGAAAAA	CARACCARCA	ACCTAAATAA	-10364
CTATGAGCAA	CTGTACACTA	ATABATTERA	ADACCTAGA	AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	AATTCCTACA	TCCATACAAC	-10294
CTACCAAGAT	TGAACCATGA	AGAAATCCAA	AGCCCAAACA	CACCAATAAC	AATTATCCCA	TTARRECTA	-10224
AATAAAAAGT	CTCCTAGCAA	AGAGAAGCCC	AGGACCCAAT	GCCTTCCCTG	CTCCATTTA	CCDATCATTT	-10134 -10084
AAAGAAGAAT	GAATTCCAAT	CCTACTCAAA	CTATTCTGAA	AAATAGAGGA	AAGAATACTT	CCAAACTCAT	-10004
TCTACATGGC	CAGTATTACC	CTGATTCCAA	AACCAGACAA	AAACACATCA	AAAACAAACA	DACADADADA	-9944
CAGAAAGAAA	GAAAACTACA	GGCCAATATC	CCTGATGAAT	ACTGATACAA	AAATCCTCAA	CAAAACACTA	-9874
GCAAACCAAA	TTAAACAACA	CCTTCGAAAG	ATCATTCATT	GTGATCAAGT	GGGATTTATT	CCAGGGATGG	-9804
AAGGATGGTT	CAACATATGC	AAATCAATCA	ATGTGATACA	TCATCCCAAC	AAAATGAAGT	ACAAAAACTA	-9734
	TCACTTTATG						
AAAAACCAGG	TATACAAGAA	ACATACAGGC	CAGGCACAGT	GGCTCACACC	TGCGATCCCA	GCACTCTGGG	-9594
AGGCCAAGGT	GGGATGATTG	CTTGGGCCCA	GGAGTTTGAG	ACTAGCCTGG	GCAACAAAAT	GAGACCTGGT	-9524
CTACAAAAAA	CTTTTTTAAA	AAATTAGCCA	GGCATGATGG	CATATGCCTG	TAGTCCCAGC	TAGTCTGGAG	-9454
GCTGAGGTGG	GAGAATCACT	TAAGCCTAGG	AGGTCGAGGC	TGCAGTGAGC	CATGAACATG	TCACTGTACT	-9384
	CAACAGAACA						
	GAGGAGAAGG						
	TTTCAACATA						
	CTAAGATCTG						
	AGAGCAATCA						
	TGCAGATGAT						
	GGTACAGCAG						
	AAAAAGAAAC						
	TCTACAATGA TGTTCATAGA						
	CAATCCCTAT						
	CCACAAAAGA						
	GACTTCAAAT						
	TGGACCAGAG						
	AGGTGCCAAG						
	ATATGCAAAA						
GGATGAAAGG	CTTAAATCTA	AAACCTCAAA	CTTTGCAACT	ACTAAAAGAA	AACACCGGAG	AAACTCTCCA	-8194
GGACATTGGA	GTGGGCAAAG	ACTTCTTGAG	TAATTCCCTG	CAGGCACAGG	CAACCAAAGC	AAAAACAGAC	-8124
	ATATCAAGTT						
CCACAGAATG	GGAGAATATA	TTTGCAAACT	ATTCATCTAA	CAAGGAATTA	ATAACCAGTA	TATATAAGGA	-7984
GCTCAAACTA	CTCTATAAGA	AAAACACCTA	ATAAGCTGAT	TTTCAAAAAT	AAGCAAAAGA	TCTGGGTAGA	-7914
	AATAAGTCAT						
	AATCAAAACT						
	AAATGCCAGT TATGGAGAAC						
CCATTGCTAG	GTATATACTC	CARARAG	TICCICAAAA	AACTAAAAAT	AAAGCTACCA	TACAGCAATC	7564
TGCAGCACTG	TTCATAGCAG	CAMMAMAGGG	CARCCARCCA	CAACAAGCT	CARCACACTO	DECCARATIAC	-7404
AAAATGTGGT	GCACATACAC	AATGGAGTAC	TACGCAGCCA	TABLABACAA	TCACAGACGA	TCBCTTCCVV	-7494
CAGCATGGGG	GGCACTGGTC	AGTATGTTAL	GTGAAATAAC	CCAGGCACAG	AAAGACAAAC	Thinks	-7354
CTCCCTTACT	TGTGGGAGCA	AAAATTAAAA	CAATTGACAT	AGAAATAGAG	GAGAATGGTG	GTTCTAGAGG	-7284
GGTGGGGGAC	AGGGTGACTA	GAGTCAACAA	TAATTTATTG	TATGTTTTAA	AATAACTAAA	AGAGTATAAT	-7214
TGGGTTGTTT	GTAACACAAA	GAAAGGATAA	ATGCTTGAAG	GTGACAGATA	CCCCATTTAC	CCTGATGTGA	-7144
TTATTACACA	TTGTATGCCT	GTATCAAAAT	ATCTCATGTA	TGCTATAGAT	ATAAACCCTA	CTATATTAAA	-7074
Aattaaaatt	TTAATGGCCA	GGCACGGTGG	CTCATGTCCG	TAATCCCAGC	ACTTTGGGAG	GCCGAGGCGG	-7004
GTGGATCACC	TGAGGTCAGG	AGTTTGAAAC	CAGTCTGGCC	ACCATGATGA	AACCCTGTCT	CTACTAAAGA	-6934
TACAAAAATT	AGCCAGGCGT	GGTGGCACAT	ACCTGTAGTO	CCAACTACTC	AGGAGGCTGA	GACAGGAGAA	-6864
TTGCTTGAAC	CTGGGAGGCG	GAGGTTGCAG	TGAGCCGAGA	TCATGCCACT	GCACTGCAGC	CTGGGTGACA	-6794
	CCATCTCAAA						
AMIMIATACI	CTACTATATT	AGAAGTTAAA	AATTAAAACA	ATTATAAAAG	GTAATTAACC	ACTTAATCTA	-6654
UND I NATIONAL	AATGTATGTG	GGGTTTCTAG	CITCTGAAGA	AGTAAAAGTT	AIGGCCACGA	. IGGCAGAAAT	-0384

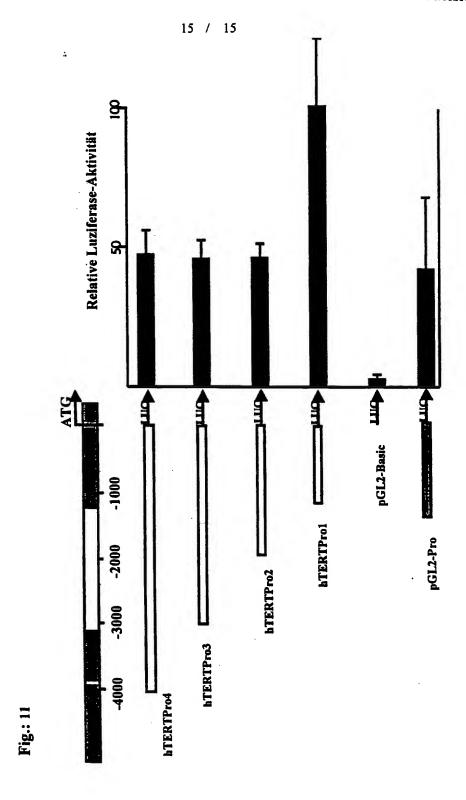
Fig. 10

GTGAGGAGGG	aacagtggaa	GTTACTGTTG	TTAGACGCTC	ATACTCTCTG	TAAGTGACTT	AATTTTAACC -6514
AAAGACAGGC	TGGGAGAAGT	TAAAGAGGCA	TTCTATAAGC	CCTAAAACAA	CTGCTAATAA	TGGTGAAAGG -6444
TAATCTCTAT	TAATTACCAA	TAATTACAGA	TATCTCTAAA	ATCGAGCTGC	AGAATTGGCA	CGTCTGATCA -6374
CACCGTCCTC	TCATTCACGG	TGCTTTTTTT	CTTGTGTGCT	TGGAGATTTT	CGATTGTGTG	TTCGTGTTTG -6304
GTTAAACTTA	ATCTGTATGA	ATCCTGAAAC	GAAAAATGGT	GGTGATTTCC	TCCAGAAGAA	TTAGAGTACC -6234
TGGCAGGAAG	CAGGTGGCTC	TGTGGACCTG	AGCCACTTCA	ATCTTCAAGG	GTCTCTGGCC	AAGACCCAGG -6164
TGCAAGGCAG	AGGCCTGATG	ACCCGAGGAC	AGGAAAGCTC	GGATGGGAAG	GGGCGATGAG	AAGCCTGCCT -6094
CGTTGGTGAG	CAGCGCATGA	AGTGCCCTTA	TTTACGCTTT	GCAAAGATTG	CTCTGGATAC	CATCTGGAAA -6024
AGGCGGCCAG	CGGGAATGCA	AGGAGTCAGA	AGCCTCCTGC	TCARACCCAG	GCCAGCAGCT	ATGGCGCCCA -5954
CCCGGGCGTG	TGCCAGAGGG	AGAGGAGTCA	AGGCACCTCG	AAGTATGGCT	TAAATCTTTT	TTTCACCTGA -5884
AGCAGTGACC	AAGGTGTATT	CTGAGGGAAG	CTTGAGTTAG	GTGCCTTCTT	TAAAACAGAA	AGTCATGGAA -5814
GCACCCTTCT	CAAGGGAAAA	CCAGACGCCC	GCTCTGCGGT	CATTTACCTC	TTTCCTCTCT	CCCTCTCTTG -5744
						AGGACCCTCT -5674
TGCAAAGGGC	TCCACAGACC	CCCGCCCTGG	AGAGAGGAGT	CTGAGCCTGG	CTTAATAACA	AACTGGGATG -5604
TGGCTGGGGG	CGGACAGCGA	CGGCGGGATT	CAAAGACTTA	ATTCCATGAG	TAAATTCAAC	CTTTCCACAT -5534
						CTGCAGAAAT -5464
CCAAAGGCGT	AAAACAGGAA	CTGAGCTATG	TTTGCCAAGG	TCCAAGGACT	TAATAACCAT	GTTCAGAGGG -5394
ATTTTTCGCC	CTAAGTACTT	TTTATTGGTT	TTCATAAGGT	GGCTTAGGGT	GCAAGGGAAA	GTACACGAGG -5324
AGAGGCCTGG	GCGGCAGGGC	TATGAGCACG	GCAGGGCCAC	CGGGGAGAGA	GTCCCCGGCC	TGGGAGGCTG -5254
ACAGCAGGAC	CACTGACCGT	CCTCCCTGGG	AGCTGCCACA	TTGGGCAACG	CGAAGGCGGC	CACGCTGCGT -5184
GTGACTCAGG	ACCCCATACC	GGCTTCCTGG	GCCCACCCAC	ACTAACCCAG	GAAGTCACGG	AGCTCTGAAC -5114
						GTGGTGTGCA -5044
GGAAATGGCC	ATGTAAATTA	CACGACTCTG	CTGATGGGGA	CCGTTCCTTC	CATCATTATT	CATCTTCACC -4974
CCCAAGGACT	GAATGATTCC	AGCAACTTCT	TCGGGTGTGA	CAAGCCATGA	CAAAACTCAG	TACAAACACC -4904
ACTCTTTTAC	TAGGCCCACA	GAGCACGGSC	CACACCCCTG	ATATATTAAG	AGTCCAGGAG	AGATGAGGCT -4834
GCTTTCAGCC	ACCAGGCTGG	GGTGACAACA	GCGGCTGAAC	AGTCTGTTCC	TCTAGACTAG	TAGACCCTGG -4764
CAGGCACTCC	CCCAGATTCT	AGGGCCTGGT	TGCTGCTTCC	CGAGGGCGCC	ATCTGCCCTG	GAGACTCAGC -4694
CTGGGGTGCC	ACACTGAGGC	CAGCCCTGTC	TCCACACCCT	CCGCCTCCAG	GCCTCAGCTT	CTCCAGCAGC -4624
						TGTCTCAGCG -4554
ACGTAGCTCG	CACGGTTCCT	CCTCACATGG	GGTGTCTGTC	TCCTTCCCCA	ACACTCACAT	GCGTTGAAGG -4484
GAGGAGATTC	TGCGCCTCCC	AGACTGGCTC	CTCTGAGCCT	GAACCTGGCT	CGTGGCCCCC	GATGCAGGTT -4414
CCTGGCGTCC	GGCTGCACGC	TGACCTCCAT	TTCCAGGCGC	TCCCCGTCTC	CTGTCATCTG	CCGGGGCCTG -4344
CCGGTGTGTT	CTTCTGTTTC	TGTGCTCCTT	TCCACGTCCA	GCTGCGTGTG	TCTCTGCCCG	CTAGGGTCTC -4274
GGGGTTTTTA	TAGGCATAGG	ACGGGGGCGT	GGTGGGCCAG	GGCGCTCTTG	GGAAATGCAA	CATTTGGGTG -4204
						CCGCCAGGGA -4134
CCCGCCCTTC	TCTGCCCAGC	ACTTTCCTGC	CCCCCTCCCT	CTGGAACACA	GAGTGGCAGT	TTCCACAAGC -4064
ACTAAGCATC	CTCTTCCCAA	AAGACCCAGC	ATTGGCACCC	CTGGACATTT	GCCCCACAGC	CCTGGGAATT -3994
C-MVC						
CACGTGACTA	CGCACATCAT	GTACACACTC	CCGTCCACGA	CCGACCCCCG	CTGTTTTATT	TTAATAGCTA -3924
						TCCGCACGGT -3854
GGACAGTTCC	TCACAGTGAA	GAGGAACATG	CCGTTTATAA	AGCCTGCAGG	CATCTCAAGG	GAATTACGCT -3784
						ACCCCATGGC -3714
						CCTTTTACTA -3644
						TGGGGATGGG -3574
GGAACCCGGA	GGCTGTGCCA	TCTTTGCCAT	GCCCGAGTGT	CCTGGGCAGG	ATAATGCTCT	AGAGATGCCC -3504
						GTGATCTCCG -3434
TGAGGACCCT	GAGGTCTGGG	ATCCTTCGGG	- ACTACCTGCA	GGCCCGAAAA	GTAATCCAGG	GGTTCTGGGA -3364
						GGCTGAAAAG -3294
GGAGGGAGGG	CCTCGAGCCC	AGGCCTGCAA	GCGCCTCCAG	AAGCTGGAAA	AAGCGGGGAA	GGGACCCTCC -3224
						TCCGGCCTCC -3154
GTGCCATAGG	AGGGCACTCG	CGCTGCCCTT	CTAGCATGAA	GTGTGTGGG	ATTTGCAGAA	GCAACAGGAA -3084
ACCCATGCAC	TGTGAATCTA	GGATTATTTC	AAAACAAAGG	TTTACAGAAA	CATCCAAGGA	CAGGGCTGAA -3014
GTGCCTCCGG	GCAAGGGCAG	GGCAGGCACG	AGTGATTTTA	TTTAGCTATT	TTATTTTATT	TACTTACTTT -2944
CTGAGACAGA	GTTATGCTCT	TGTTGCCCAG	GCTGGAGTGC	AGCGGCATGA	TCTTGGCTCA	CTGCAACCTC -2874
CGTCTCCTGG	GTTCAAGCAA	. TTCTCGTGCC	TCAGCCTCCC	AAGTAGCTGG	GATTTCAGGC	GTGCACCACC -2804
ACACCCGGCT	AATTTTGTAT	TTTTAGTAGA	GATGGGCTTT	CACCATGTTG	GTCAAGCTGA	TCTCAAAATC -2734
CTGACCTCAG	GTGATCCGCC	CACCTCAGCC	TCCCAAAGTG	CTGGGATTAC	AGGCATGAGC	CACTGCACCT -2664
GGCCTATTTA	ACCATTTTAA	AACTTCCCTG	GGCTCAAGTC	ACACCCACTG	GTAAGGAGTT	CATGGAGTTC -2594
AATTTCCCCT	TTACTCAGGA	GTTACCCTCC	TTTGATATTT	TCTGTAATTC	TTCGTAGACT	GGGGATACAC -2524
CGTCTCTTG	CATATTCACA	GTTTCTGTGA	CCACCTGTTA	TCCCATGGGA	CCCACTGCAG	GGGCAGCTGG -2454
						ATCAGGGCGC -2384
						AAGTCCATCC -2314
						CTCACTCCTG -2244
TGGAGGAAGG	AATGATACTT	TGTTATTTT	CACTGCTGGT	ACTGAATCCA	CTGTTTCATT	TGTTGGTTTG -2174
TTTGTTTTGT	TTTGAGAGGC	GGTTTCACTO	TTGTTGCTC	GGCTGGAGGG	AGTGCAATGG	CGCGATCTTG -2104
GCTTACTGC	GCCTCTGCCT	CCCAGGTTC	AGTGATTCT	CIGCTICCGC	CTCCCATTTG	GCTGGGATTA -2034
CAGGCACCC	CCACCATGCC	CAGCTAATT	TTTGTATTT	TAGTAGAGAC	GGGGGTGGGT	GGGGTTCACC -1964

PCT/EP98/08216

Fig. 10

ATGTTGG GATTACA	CCA GGT	GGCTGGTCTC GTGAGCCACC	GAACTTCTGA ATGCCCAGCT	CAGAATTTAC	TCTGTTTAGA	TCTGCCTCCT AACATCTGGG	AAAGTGCTGG TCTGAGGTAG	-1894 -1824
GAAGCTC	ACC	CCACTCAAGT	GTTGTGGTGT	CAAT-B TTTAAGCCAA		TTTTTATTGT	TGTTAGAACA	-1754
CTCTTGA	TGT	TTTACACTGT	GATGACTAAG	ACATCATCAG	CTTTTCAAAG	ACACACTAAC	TGCACCCATA	-1684
ATACTGG	GGT	GTCTTCTGGG	TATCAGCAAT	CTTCATTGAA	TGCCGGGAGG	CGTTTCCTCG	CCATGCACAT	-1614
GGTGTTA	ATT	ACTCCAGCAT	AATCTTCTGC	TTCCATTTCT	TCTCTTCCCT	CTTTTAAAAT	TGTGTTTTCT	-1544
ATGTTGG Spi	CTT	CTCTGCAGAG	AACCAGTGTA	AGCTACAACT	TAACTTTTGT	TGGAACAAAT	TTTCCAAACC	-1474
GCCCCTT	TGC	CCTAGTGGCA	GAGACAATTC	ACAAACACAG	CCCTTTAAAA	AGGCTTAGGG	ATCACTAAGG	-1404
GGATTTC	TAG	AAGAGCGACC	TGTAATCCTA	AGTATTTACA	AGACGAGGCT	AACCTCCAGC	GAGCGTGACA	-1334
GCCCAGG	GAG	GGTGCGAGGC	CTGTTCAAAT	GCTAGCTCCA	TAAATAAAGC	AATTTCCTCC	GGCAGTTTCT	-1264
GAAAGTA	GGA	AAGGTTACAT	TTAAGGTTGC	GTTTGTTAGC	ATTTCAGTGT	TTGCCGACCT	CAGCTACAGC	-1194
ATCCCTG	CAA	GGCCTCGGGA	GACCCAGAAG	TTTCTCGCCC	CCTTAGATCC	AAACTTGAGC	AACCCGGAGT	-1124
CTGGATT	CCT	GGGAAGTCCT	CAGCTGTCCT	GCGGTTGTGC	CGGGGCCCCA	GGTCTGGAGG	GGACCAGTGG	-1054
CCGTGTG	GCT	TCTACTGCTG	GGCTGGAAGT	CGGGCCTCCT	AGCTCTGCAG	TCCGAGGCTT	GGAGCCAGGT	-984
GCCTGGA	rccc	CGAGGCTGCC	CTCCACCCTG	TGCGGGCGGG	ATGTGACCAG	ATGTTGGCCT	CATCTGCCAG	-914
ACAGAGT	GCC	GGGGCCCAGG CCAC	GTCAAGGCCG - <i>Box</i>	TTGTGGCTGG	TGTGAGGCGC	CCGGTGCGCG	GCCAGCAGGA	-844
GCGCCTG	GCT	CCATTTCCCA	CCCTTTCTCG	ACGGGACCGC	сссветесет	GATTAACAGA	TTTGGGGTGG	-774
TTTGCTC	ATG	GTGGGGACCC	CTCGCCGCCT	GAGAACCTGC	AAAGAGAAAT	GACGGGCCTG	TGTCAAGGAG	-704
		AP-2					GGAGCAATGC	
GTCCTCG	GGT	TCCTCCCAG	CCGCGTCTAC	GCGCCTCCGT	CCTCCCCTTC	ACGTCCGGCA	TTCGTGGTGC	-564
CCGGAGC	CCG	ACGCCCCGCG	TCCGGACCTG	GAGGCAGCCC	TGGGTCTCCG	GATCAGGCCA	GCGGCCAAAG	-494
GGTCGC	GCA	CGCACCTGTT	CCCAGGGCCT	CCACATCATG	GCCCCTCCCT	CGGGTTACCC	CACAGCCTAG Spl	-424
				Spl	CCTGCACCCT			-354
					CAGCTGCGCT	GTCGGGGCCA	GGCCGGGCTC	-284
CCAGTGO	TTA	CGCGGGCACA	GACGCCCAGG	ACCGCGCTCC		GAGGGACTGG Spl	GGACCCGGGC	-214
					CGCGGACCC	GCCCCCTCCC	GACCCCTCCC Sp1	-144
		•	TCCGGGCCCT		CCCCTTCCTT			-74
		<u>AGTT</u> TCAGGC	AGCGCTGCGT	CCTGCTGCGC	ACGTGGGAAG	CCCTGGCCCC	GGCCACCCC	-4
GCGATG	;							3



ERSATZBLATT (REGEL 26)

SEQUENZPROTOKOLL

```
<110> Bayer AG
 5
              <120> Regulatorische DNA-Sequenzen aus der 5i-Region vom Gen
                       der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit und
                       deren diagnostische und therapeutische Verwendung
              <130> LeA32805-Ausland
10
              <140>
              <141>
              <160> 20
15
              <170> PatentIn Vers. 2.0
              <210> 1
              <211> 5126
20
              <212> DNA
              <213> Homo sapiens
              gagetetgaa eegtggaaac gaacatgace ettgeetgee tgetteeetg ggtgggteaa 60
25
              qqqtaatgaa qtqqtqtqca qqaaatqqcc atqtaaatta cacqactctq ctqatqqqqa 120
              cogttootto catcattatt catottoaco cocaaggact gaatgattoc agcaacttot 180
              togggtgtga caagocatga caaaactcag tacaaacacc actottttac taggoccaca 240
              qaqcacqqqc cacacccctg atatattaag agtccaggag agatgaggct gctttcagcc 300
              accaggotgg ggtgacaaca gcggotgaac agtotgttoc totagactag tagaccotgg 360
30
              caggractee eccaaattet agggettget tgetgettee egagggegee atetgeeetg 420
              gagactcago ctggggtgcc acactgaggo cagocotgto tocacacoot cogootccag 480
              gcctcagctt ctccagcagc ttcctaaacc ctgggtgggc cgtgttccag cgctactgtc 540
              tcacctgtcc cactgtgtct tgtctcagcg acgtagctcg cacggttcct cctcacatgg 600
              qqtqtctqtc tccttcccca acactcacat gcgttgaagg gaggagattc tgcgcctccc 660
              agactggctc ctctgagcct gaacctggct cgtggccccc gatgcaggtt cctggcgtcc 720
35
              ggetgeacge tgacetecat ttecaggege teccegtete etgteatetg eeggggeetg 780
              coggratett cttotettto tetectt tocacetoca gotecetet tototece 840
               ctagggtotc ggggttttta taggcatagg acgggggcgt ggtgggccag ggcgctcttg 900
               ggaaatgcaa catttgggtg tgaaagtagg agtgcctgtc ctcacctagg tccacgggca 960
40
               caggeetggg gatggageec eegecaggga eeegecette tetgeecage acttteetge 1020
               concetent organization agreement the contract of the contract 
               aagacccage attggcaccc etggacattt geeccacage eetgggaatt caegtgacta 1140
               cgcacateat gtacacacte ccgtccacga ccgacceccg ctgttttatt ttaatageta 1200
               caaagcaggg aaatccctgc taaaatgtcc tttaacaaac tggttaaaca aacgggtcca 1260
 45
               tecgeaeggt ggaeagttee teacagtgaa gaggaacatg cegtttataa ageetgeagg 1320
               cateteaagg gaattacget gagteaaaac tgccacetee atgggatacg tacgcaacat 1380
               gctcaaaaag aaagaatttc accccatggc aggggagtgg ttaggggggt taaggacggt 1440
               gggggcggca gctgggggct actgcacgca ccttttacta aagccagttt cctggttctg 1500
               atggtattgg ctcagttatg ggagactaac cataggggag tggggatggg ggaacccgga 1560
 50
               qqctqtqcca tctttqccat gcccgagtgt cctgggcagg ataatgctct agagatgccc 1620
               acgtectgat teccecaaac etgtggacag aaccegeeg geeccaggge etttgcaggt 1680
               gtgatctccg tgaggaccct gaggtctggg atccttcggg actacctgca ggcccgaaaa 1740
               gtaatccagg ggttctggga agagggggc aggagggtca gaggggggca gcctcaggac 1800
               gatggaggca gtcagtctga ggctgaaaag ggagggaggg cctcgagccc aggcctgcaa 1860
 55
               gegeetecag aagetggaaa aageggggaa gggaeeetee aeggageetg eageaggaag 1920
               gcacggetgg cccttagccc accagggecc atcgtggacc tecggectec gtgccatagg 1980
               agggcacteg egetgeeett etageatgaa gtgtgtgggg atttgcagaa gcaacaggaa 2040
               acccatgcac tgtgaatcta ggattatttc aaaacaaagg tttacagaaa catccaagga 2100
               cagggctgaa gtgcctccgg gcaagggcag ggcaggcacg agtgatttta tttagctatt 2160
 60
               trattttatt tacttacttt ctgagacaga gttatgctct tgttgcccag gctggagtgc 2220
                agoggoatga tettggotoa otgoaacoto ogtotootgg gttoaagoaa ttotogtgoo 2280
                tragcetree aagtagetgg gattteagge gtgcaccace acaccegget aattttgtat 2340
                ttttaqtaqa qatqqqcttt caccatgttg gtcaagctga tctcaaaatc ctgacctcag 2400
                gtgatccgcc cacctcagcc tcccaaagtg ctgggattac aggcatgagc cactgcacct 2460
```

```
ggcctattta accattttaa aacttccctg ggctcaagtc acacccactg gtaaggagtt 2520
        catggagtte aattteeect ttacteagga gttaceetee tttgatattt tetgtaatte 2580
        ttcgtagact ggggatacac cgtctcttga catattcaca gtttctgtga ccacctgtta 2640
        teccatggga eccaetgeag gggeagetgg gaggetgeag getteaggte ecagtggggt 2700
5
        tgccatctgc cagtagaaac ctgatgtaga atcagggcgc aagtgtggac actgtcctga 2760
        atctcaatgt ctcagtgtgt gctgaaacat gtagaaatta aagtccatcc ctcctactct 2820
        actgggattg agececttee ctatececee ccaggggeag aggagtteet eteacteetg 2880
        tggaggaagg aatgatactt tgttattttt cactgctggt actgaatcca ctgtttcatt 2940
        tgrtggrttg tttgttttgt tttgagagge ggtttcactc ttgrtgctca ggctggaggg 3000
10
        agtgcaatgg cgcgatcttg gcttactgca gcctctgcct cccaggttca agtgattctc 3060
        ctgcttccgc ctcccatttg gctgggatta caggcacccg ccaccatgcc cagctaattt 3120
        tttgtatttt tagtagagac gggggtgggt ggggttcacc atgttggcca ggctggtctc 3180
        gaacttotga cotcagatga tocacetgee totgeeteet aaagtgetgg gattacaggt 3240
        gtgagccacc atgcccagct cagaatttac totgtttaga aacatotggg totgaggtag 3300
15
        gaageteace ceacteaagt gttgtggtgt tttaagecaa tgatagaatt tttttattgt 3360
        tgttagaaca ctcttgatgt tttacactgt gatgactaag acatcatcag cttttcaaag 3420
        acacactaac tgcacccata atactggggt gtcttctggg tatcagcaat cttcattgaa 3480
        tgccgggagg cgtttcctcg ccatgcacat ggtgttaatt actccagcat aatcttctgc 3540
        ttccatttct tctcttccct cttttaaaat tgtgttttct atgttggctt ctctgcagag 3600
20
        aaccagtgta agctacaact taacttttgt tggaacaaat tttccaaacc gcccctttgc 3660
        cctaqtqqca qaqacaattc acaaacacag ccctttaaaa aggcttaggg atcactaagg 3720
        ggatttctag aagagcgacc tgtaatccta agtatttaca agacgaggct aacctccagc 3780
        gagegtgaca geceagggag ggtgegagge etgttcaaat getageteea taaataaage 3840
        aatttootoo ggcagtttot gaaagtagga aaggttacat ttaaggttgc gtttgttagc 3900
25
        atttcagtgt ttgccgacct cagctacagc atccctgcaa ggcctcggga gacccagaag 3960
        tttctcgccc ccttagatcc aaacttgagc aacccggagt ctggattcct gggaagtcct 4020
        cagctgtcct gcggttgtgc cggggcccca ggtctggagg ggaccagtgg ccgtgtggct 4080
        totactgotg ggetggaagt egggeeteet agetetgeag teegaggett ggagecaggt 4140
        gcctggaccc cgaggctgcc ctccaccctg tgcgggcggg atgtgaccag atgttggcct 4200
30
        catctgccag acagagtgcc ggggcccagg gtcaaggccg ttgtgggctgg tgtgaggcgc 4260
        ceggtgegeg geeageagga gegeetgget ccatttecca ecettteteg aegggacege 4320
        cccggtgggt gattaacaga tttggggtgg tttgctcatg gtggggaccc ctcgccgcct 4380
        gagaacctgc aaagagaaat gacgggcctg tgtcaaggag cccaagtcgc ggggaagtgt 4440
        tgcagggagg cacteeggga ggteeegegt geeegteeag ggageaatge gteetegggt 4500
35
        tegtecceag eegegtetae gegeeteegt ceteceette aegteeggea ttegtggtgc 4560
        coggagocog acgococgog tooggacotg gaggoagoco tgggtotocg gatoaggoca 4620
        gcqccaaaq qqtcqccqca cqcacctqtt cccagggct ccacatcatg gcccctccct 4680
        egggttacce cacageetag geegattega eeteteteeg etggggeeet egetggegte 4740
        cctgcaccct gggagcgcga gcggcgcgcg ggcggggaag cgcggcccag acccccgggt 4800
40
        ccgcccggag cagctgcgct gtcggggcca ggccgggctc ccagtggatt cgcgggcaca 4860
        gacqcccagg accgcgctcc ccacgtggcg gagggactgg ggacccgggc acccgtcctg 4920
        coccttcace ttecagetee geotecteeg egeggacece geocegteec gaccecteec 4980
        gggtccccgg cccagcccc tccgggccct cccagcccct ccccttcctt tccgcggccc 5040
         egecetetee tegeggegeg agttteagge agegetgegt cetgetgege aegtgggaag 5100
45
         ccctggccce ggccaccccc gcgatg
                                                                           5126
         <210> 2
         <211> 4042
         <212> DNA
50
         <213> Homo sapiens
         gtttcaggca gcgctgcgtc ctgctgcgca cgtgggaagc cctggccccg gccacccccg 60
         cgatgccgcg cgctccccgc tgccgagccg tgcgctccct gctgcgcagc cactaccgcg 120
55
         aggtgctgcc gctggccacg ttcgtgcggc gcctggggcc ccagggctgg cggctggtgc 180
         agegegggga ceeggegget tteegegege tggtggeeca gtgeetggtg tgegtgeect 240
         gggacgcacg geegeeeeee geegeeeeet cetteegeea ggtgteetge etgaaggage 300
         tggtggcccg agtgctgcag aggctgtgcg agcgcggcgc gaagaacgtg ctggccttcg 360
         gettegeget getggaeggg gecegegggg geceeeega ggeetteace accagegtge 420
60
         gcagetacet geccaacaeg gtgacegaeg caetgegggg gageggggeg tgggggetge 480
         tgctgcgccg cgtgggcgac gacgtgctgg ttcacctgct ggcacgctgc gcgctctttg 540
         tgctggtggc teccagetgc gectaccagg tgtgcgggcc gccgctgtac cagetcggcg 600
         ctgccactca ggcccggccc ccgccacacg ctagtggacc ccgaaggcgt ctgggatgcg 660
         aacgggcctg gaaccatagc gtcagggagg ccggggtccc cctgggcctg ccagcccgg 720
 65
         gtgcgaggag gcgcgggggc agtgccagcc gaagtctgcc gttgcccaag aggcccaggc 780
```

```
gtggcgctgc ccctgagccg gagcggacgc ccgttgggca ggggtcctgg gcccacccgg 840
        geaggacgeg tggaccgagt gaccgtggtt tetgtgtggt gteacetgee agaccegeeg 900
        aagaagccac ctctttggag ggtgcgctct ctggcacgcg ccactcccac ccatccgtgg 960
        geogecagea ceaegegge ecceeateea categeggee accaegteee tgggacaege 1020
 5
        cttgtccccc ggtgtacgcc gagaccaagc acttcctcta ctcctcaggc gacaaggagc 1080
        agetgeggee eteetteeta eteagetete tgaggeecag cetgactgge geteggagge 1140
        togtggagac catctttctg ggttccaggc cctggatgcc agggactccc cgcaggttgc 1200
        cocgectgcc ccagegetac tggcaaatgc ggcccctgtt tctggagctg cttgggaacc 1260
        acgegeagtg cecetaeggg gtgeteetea agaegeactg ceegetgega getgeggtea 1320
10
        ccccagcage eggtgtetgt gcccgggaga agccccaggg etetgtggeg gcccccgagg 1380
        aggaggacac agacccccgt cgcctggtgc agctgctccg ccagcacagc agcccctggc 1440
        aggtgtacgg cttcgtgcgg gcctgcctgc gccggctggt gcccccaggc ctctggggct 1500
        ccaggeacaa egaacgeege tteetcagga acaccaagaa gtteatetee etggggaage 1560
        atgccaaget etegetgeag gagetgaegt ggaagatgag egtgegggae tgegettgge 1620
15
        tgcgcaggag cccaggggtt ggctgtgttc cggccgcaga gcaccgtctg cgtgaggaga 1680
        tectggecaa gtteetgeac tggetgatga gtgtgtaegt egtegagetg eteaggtett 1740
        tettttatgt caeggagace aegttteaaa agaacagget etttttetae eggaagagtg 1800
        tctggagcaa gttgcaaagc attggaatca gacagcactt gaagagggtg cagctgcggg 1860
        agetgtegga ageagaggte aggeageate gggaageeag geeegeeetg etgaegteea 1920
20
        gactccgctt catccccaag cctgacgggc tgcggccgat tgtgaacatg gactacgtcg 1980
        tgggagccag aacgttccgc agagaaaaga gggccgagcg tctcacctcg agggtgaagg 2040
        cactettcag cgtqctcaac tacgageggg cgcggcgccc cggcctcctg ggcgcctctg 2100
        tgctgggcct ggacgatatc cacagggcct ggcgcacctt cgtgctgcgt gtgcgggccc 2160
        aggaccegce geetgagetg tactttgtca aggtggatgt gaegggegeg tacgacacca 2220
25
        tcccccagga caggetcacg gaggtcateg ccagcatcat caaaccccag aacacgtact 2280
        gegtgegteg gtatgeegtg gtecagaagg cegeceatgg gcaegteege aaggeettea 2340
        agagecacgt ctctacettg acagacetee agecgtacat gegacagtte gtggeteace 2400
        tgcaggagac cagcccgctg agggatgccg tcgtcatcga gcagagctcc tccctgaatg 2460
        aggecageag tggcctette gaegtettee taegetteat gtgccaccae geegtgegea 2520
30
        traggggcaa gtoctacgte cagtgccagg ggatcccgca gggctccatc ctctccacgc 2580
        tgctctgcag cctgtgctac ggcgacatgg agaacaagct gtttgcgggg attcggcggg 2640
        acgggerger cetgegtrig grggargatt territing gacaceteae etcacecaeg 2700
        cgaaaacctt cctcaggacc ctggtccgag gtgtccctga gtatggctgc gtggtgaact 2760
        tgcggaagac agtggtgaac ttccctgtag aagacgaggc cctgggtggc acggcttttg 2820
35
        ttcagatgcc ggcccacggc ctattcccct ggtgcggcct gctgctggat acccggaccc 2880
        tggaggtgca gagcgactac tccagctatg cccggacctc catcagagcc agtctcacct 2940
         tcaaccgcgg cttcaaggct gggaggaaca tgcgtcgcaa actctttggg gtcttgcggc 3000
        tqaaqtqtca caqcctqttt ctqqatttqc aqqtqaacaq cctccagacg gtgtgcacca 3060
         acatetacaa gatecteetg etgeaggegt acaggtttea egeatgtgtg etgeagetee 3120
        catttcatca gcaagtttgg aagaacccca catttttcct gcgcgtcatc tctgacacgg 3180
40
         corcectorg cractocate organises againgtage garground ggggccaagg 3240
         gegeogeogg coetetgece tecgaggeog tgeagtgget gtgecaceaa geatteetge 3300
         tcaagetgae tegacacegt gteacetacg tgccaeteet ggggteacte aggacagece 3360
         agacgcaget gagteggaag etecegggga egacgetgae tgeeetggag geegcageea 3420
45
         acceggeact geoeteagae tteaagaeca teetggaetg atggecaece geoeacagec 3480
         aggeogagag cagacaccag cageoctyte acgeogyget ctacytecca gygagggagg 3540
         ggcggcccac acccaggcc gcaccgctgg gagtctgagg cctgagtgag tgtttggccg 3600
         aggeotgeat georggotga aggeotgageg teorggotgag georgagega gegeoragec 3660
         aagggetgag tgtecageac acetgeegte tteaetteec caeaggetgg egeteggete 3720
50
         caccccaggg ccagetttte etcaccagga geceggette caetececae ataggaatag 3780
         tocatococa qattequeat tottcaccoc tequectoco etcetttoco ttecaccocc 3840
         accatccagg tggagaccct gagaaggacc ctgggagctc tgggaatttg gagtgaccaa 3900
         aggtgtgccc tgtacacagg cgaggaccct gcacctggat gggggtccct gtgggtcaaa 3960
         ttggggggag gtgctgtggg agtaaaatac tgaatatatg agtttttcag ttttgaaaaa 4020
55
         aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa
                                                                           4042
         <210> 3
         <211> 11276
         <212> DNA
 60
         <213> Homo sapiens
         <400> 3
         acttgagece aagagtteaa ggetaeggtg agecatgatt geaacaceae aegecageet 60
         tggtgacaga atgagacct gtctcaaaaa aaaaaaaaa aattgaaata atataaagca 120
         tettetetgg ccacagtgga acaaaaccag aaatcaacaa caagaggaat tttgaaaact 180
 65
```

```
atacaaacac atgaaaatta aacaatatac ttctgaatga ccagtgagtc aatgaagaaa 240
        ttaaaaagga aattgaaaaa tttatttaag caaatgataa cggaaacata acctctcaaa 300
        acccacggta tacagcaaaa gcagtgctaa gaaggaagtt tatagctata agcagctaca 360
        tcaaaaaagt agaaaagcca ggcgcagtgg ctcatgcctg taatcccagc actttgggag 420
 5
        gccaaggcgg gcagatcgcc tgaggtcagg agttcgagac cagcctgacc aacacagaga 480
        aaccttgtcg ctactaaaaa tacaaaatta qctqqqcatq qtggcacatq cctqtaatcc 540
        cagctactcg ggaggctgag gcaggataac cgcttgaacc caggaggtgg aggttgcggt 600
        gagccgggat tgcgccattg gactccagcc tgggtaacaa gagtgaaacc ctgtctcaag 660
        aaaaaaaaa aagtagaaaa acttaaaaat acaacctaat gatgcacctt aaagaactag 720
10
        aaaagcaaga gcaaactaaa cctaaaattg gtaaaagaaa agaaataata aagatcagag 780 cagaaataaa tgaaactgaa agataacaat acaaaagatc aacaaaatta aaagttggtt 840
        ttttgaaaag ataaacaaaa ttgacaaacc tttgcccaga ctaagaaaaa aggaaagaag 900
        acctaaataa ataaagtcag agatgaaaaa agagacatta caactgatac cacagaaatt 960
        caaaggatca ctagaggcta ctatgagcaa ctgtacacta ataaattgaa aaacctagaa 1020
15
        aaaatagata aatteetaga tgeatacaae etaecaagat tgaaccatga agaaateeaa 1080
        agcccaaaca gaccaataac aataatggga ttaaagccat aataaaaagt ctcctagcaa 1140
        agagaagccc aggacccaat ggcttccctg ctggatttta ccaatcattt aaagaagaat 1200
        gaattccaat cctactcaaa ctattctgaa aaatagagga aagaatactt ccaaactcat 1260
        totacatggo cagtattaco otgattocaa aaccagacaa aaacacatca aaaacaaaca 1320
20
        aacaaaaaaa cagaaagaaa gaaaactaca ggccaatatc cctgatgaat actgatacaa 1380
        aaatcctcaa caaaacacta gcaaaccaaa ttaaacaaca ccttcgaaag atcattcatt 1440
        gtgatcaaqt qqqatttatt ccaqqqatqq aagqatqqtt caacatatqc aaatcaatca 1500
        atgtgataca tcatcccaac aaaatgaagt acaaaaacta tatgattatt tcactttatg 1560
        cagaaaaagc atttgataaa attctgcacc cttcatgata aaaaccctca aaaaaccagg 1620
25
        tatacaagaa acatacaggc caggcacagt ggctcacacc tgcgatccca gcactctggg 1680
        aggccaaggt gggatgattg cttgggccca ggagtttgag actagcctgg gcaacaaaat 1740
        gagacctggt ctacaaaaaa ctttttaaa aaattagcca ggcatgatgg catatgcctg 1800
        tagtcccagc tagtctggag gctgaggtgg gagaatcact taagcctagg aggtcgaggc 1860
        tgcagtgagc catgaacatg tcactgtact ccagcctaga caacagaaca agaccccact 1920
30
        aggaggtgga ggagaagtgg aaggggaagg ggaagggaaa gaggaagaag aagaaacata 2040
        tttcaacata ataaaagccc tatatgacag accgaggtag tattatgagg aaaaactgaa 2100
        agcettecet ctaagatetg gaaaatgaca agggeecact tteaceactg tgatteaaca 2160
        tagtactaga agtcctagct agagcaatca gataagagaa agaaataaaa ggcatccaaa 2220
35
        ctggaaagga agaagtcaaa ttatcctgtt tgcagatgat atgatcttat atctggaaaa 2280
        gacttaagac accactaaaa aactattaga gctgaaattt ggtacagcag gatacaaaat 2340
        caatgtacaa aaatcagtag tatttctata ttccaacagc aaacaatctg aaaaagaaac 2400
        caaaaaaqca qctacaaata aaattaaaca qctaqqaatt aaccaaaqaa qtqaaaqatc 2460
        tctacaatga aaactataaa atgttgataa aagaaattga agagggcaca aaaaaagaaa 2520
40
        agatattcca tgttcataga ttggaagaat aaatactgtt aaaatgtcca tactacccaa 2580
        agcaatttac aaattcaatg caatccctat taaaatacta atgacgttct tcacagaaat 2640
        agaagaaaca attctaagat ttgtacagaa ccacaaaaga cccagaatag ccaaagctat 2700
        cctgaccaaa aagaacaaaa ctggaagcat cacattacct gacttcaaat tatactacaa 2760
        agctatagta acccaaacta catggtactg gcataaaaac agatgagaca tggaccagag 2820
45
        gaacagaata gagaatccag aaacaaatcc atgcatctac agtgaactca tttttgacaa 2880
        aggtgccaag aacatacttt ggggaaaaga taatctcttc aataaatggt gctggaggaa 2940
        ctggatatcc atatqcaaaa taacaatact aqaactctgt ctctcaccat atacaaaaqc 3000
        aaatcaaaat ggatgaaagg cttaaatcta aaacctcaaa ctttgcaact actaaaagaa 3060
        aacaccggag aaactctcca ggacattgga gtgggcaaag acttcttgag taattccctg 3120
50
         caggcacagg caaccaaagc aaaaacagac aaatgggatc atatcaagtt aaaaagcttc 3180
        tgcccagcaa aggaaacaat caacaaagag aagagacaac ccacagaatg ggagaatata 3240
         tttgcaaact attcatctaa caaggaatta ataaccagta tatataagga gctcaaacta 3300
         ctctataaga aaaacaccta ataagctgat tttcaaaaaat aagcaaaaga tctgggtaga 3360
        catttctcaa aataagtcat acaaatggca aacaggcatc tgaaaatgtg ctcaacacca 3420
55
        ctgatcatca gagaaatgca aatcaaaact actatgagag atcatctcat cccagttaaa 3480
         atggetttta tteaaaagae aggeaataae aaatgeeagt gaggatgtgg ataaaaggaa 3540
         accettggae actgttggtg ggaatggaaa ttgctaccae tatggagaac agtttgaaag 3600
         ttcctcaaaa aactaaaaat aaagctacca tacagcaatc ccattgctag gtatatactc 3660
         caasaaaggg aatcagtqta tcaacaagct atctccactc ccacatttac tgcagcactg 3720
60
         ttcatageag ceaaggtttg gaageaacet cagtgteeat caacagaega atggaaaaag 3780
         aaaatgtggt gcacatacac aatggagtac tacgcagcca taaaaaagaa tgagatcctg 3840
         tcagttgcaa cagcatgggg ggcactggtc agtatgttaa gtgaaataag ccaggcacag 3900
         aaagacaaac ttttcatgtt ctcccttact tgtgggagca aaaattaaaa caattgacat 3960
         agaaatagag gagaatggtg gttctagagg ggtgggggac agggtgacta gagtcaacaa 4020
65
         taatttattg tatgttttaa aataactaaa agagtataat tgggttgttt gtaacacaaa 4080
```

```
gaaaggataa atgcttgaag gtgacagata ccccatttac cctgatgtga ttattacaca 4140
        ttgtatgcct gtatcaaaat atctcatgta tgctatagat ataaacccta ctatattaaa 4200
        aattaaaatt ttaatggcca ggcacggtgg ctcatgtccg taatcccagc actttgggag 4260
        gccgaggcgg gtggatcacc tgaggtcagg agtttgaaac cagtctggcc accatqatqa 4320
 5
        aaccetgtet etaetaaaga tacaaaaatt ageeaggegt ggtggcacat acctgtagte 4380
        ccaactactc aggaggctga gacaggagaa ttgcttgaac ctgggaggcg gaggttgcag 4440
        tgagccgaga tcatgccact gcactgcagc ctgggtgaca gagcaagact ccatctcaaa 4500
        acaaaacaa aaaaaagaag attaaaattg taatttttat gtaccgtata aatatatact 4560
        ctactatatt agaagttaaa aattaaaaca attataaaag gtaattaacc acttaatcta 4620
10
        aaataagaac aatgtatgtg gggtttctag cttctgaaga agtaaaagtt atggccacga 4680
        tggcagaaat gtgaggaggg aacagtggaa gttactgttg ttagacgctc atactctctg 4740
        taagtgactt aattttaacc aaagacaggc tgggagaagt taaagaggca ttctataagc 4800
        cctaaaacaa ctgctaataa tggtgaaagg taatctctat taattaccaa taattacaga 4860
        tatetetaaa ategagetge agaattggea egtetgatea cacegteete teatteaegg 4920
15
        tgcttttttt cttgtgtgct tggagatttt cgattgtgtg ttcgtgtttg gttaaactta 4980
        atotgtatga atootgaaac gaaaaatggt ggtgatttoc tocagaagaa ttagagtacc 5040
        tggcaggaag caggtggctc tgtggacctg agccacttca atcttcaagg gtctctggcc 5100
        aagacccagg tgcaaggcag aggcctgatg acccgaggac aggaaagctc ggatgggaag 5160
        gggcgatgag aagcctgcct cgttggtgag cagcgcatga agtgccctta tttacgcttt 5220
20
        gcaaagattg ctctggatac catctggaaa aggcggccag cgggaatgca aggagtcaga 5280
        agcetectge teaaacceag gecageaget atggegeeca ecegggegtg tgccagaggg 5340
        agaggagtca aggcactcg aagtatggct taaatctttt tttcacctga agcagtgacc 5400
        aaggtgtatt ctgagggaag cttgagttag gtgccttctt taaaacagaa agtcatggaa 5460
        gcaccettet caaqqqaaaa ccaqacqccc gctctgcggt catttacete tttcctctt 5520
25
        contentity contagget tretgategg garagagtga conceptgga gettetecga 5580
        gcccgtgctg aggaccctct tgcaaagggc tccacagacc cccgccctgg agagaggagt 5640
        ctgagcctgg cttaataaca aactgggatg tggctggggg cggacagcga cggcgggatt 5700
        caaagactta attccatgag taaattcaac ctttccacat ccgaatggat ttggatttta 5760
        tottaatatt ttottaaatt toatcaaata acattoagga otgoagaaat ocaaaggogt 5820
30
        aaaacaggaa ctgagctatg tttgccaagg tccaaggact taataaccat gttcagaggg 5880
        atttttegee ctaagtaett tttattggtt tteataaggt ggettagggt gcaagggaaa 5940
        gtacacgagg agaggcctgg gcggcagggc tatgagcacg gcagggccac cggggagaga 6000
        gtccccggcc tgggaggctg acagcaggac cactgaccgt cctccctggg agctgccaca 6060
        ttgggcaacg cgaaggeggc cacgetgegt gtgactcagg accecatace ggcttcctgg 6120
35
        geceacecae actaacecag gaagteacgg agetetgaac eegtggaaac gaacatgace 6180
        cttgcctgcc tgcttccctg ggtgggtcaa gggtaatgaa gtggtgtgca ggaaatggcc 6240
        atgtaaatta cacgactctg ctgatgggga ccgttccttc catcattatt catcttcacc 6300
        cccaaggact gaatgattcc agcaacttct tcgggtgtga caagccatga caaaactcag 6360
        tacaaacacc actetttac taggeecaca gageaeggse cacaeccetg atatattaag 6420
40
        agtccaggag agatgaggct gctttcagcc accaggctgg ggtgacaaca gcggctgaac 6480
        agtetgttee tetagactag tagaccetgg caggeactee eccagattet agggeetggt 6540
         tgctgcttcc cgagggcgcc atctgccctg gagactcagc ctggggtgcc acactgaggc 6600
         cagecetyte tecacaceet ecycetecay genteagett etccaycage ttectaaace 6660
        ctgggtgggc cgtgttccag cgctactgtc tcacctgtcc cactgtgtct tgtctcagcg 6720
45
        acgtageteg caeggtteet ceteacatgg ggtgtetgte teetteecea acaeteacat 6780
        gegttgaagg gaggagatte tgegeeteec agaetggete etetgageet gaacetgget 6840
        cgtggccccc gatgcaggtt cctggcgtcc ggctgcacgc tgacctccat ttccaggcgc 6900
         tecceptete etgteatetg ceggggeetg eeggtgtgtt ettetgttte tgtgeteett 6960
         tecaegteca getgegtgtg tetetgeeeg etagggtete ggggttttta taggeatagg 7020
50
         acgggggcgt ggtgggccag ggcgctcttg ggaaatgcaa catttgggtg tgaaagtagg 7080
         agtgcctgtc ctcacctagg tccacgggca caggcctggg gatggagccc ccgccaggga 7140
         cocqueette tetquecaqe actitectge ecceptect etggaacaca gagtggcagt 7200
         ttccacaage actaageate etetteecaa aagacecage attggcacee etggacattt 7260
         geoccacage cetgggaatt caegtgacta egeacateat gtacacacte cegtecaega 7320
55
         ccgacccccg ctgttttatt ttaatagcta caaagcaggg aaatccctgc taaaatgtcc 7380
         tttaacaaac tggttaaaca aacgggtcca tccgcacggt ggacagttcc tcacagtgaa 7440
         gaggaacatg ccgtttataa agcctgcagg catctcaagg gaattacgct gagtcaaaac 7500
         tgccacctcc atgggatacg tacgcaacat gctcaaaaag aaagaatttc accccatggc 7560
         aggggagtgg ttaggggggt taaggacggt gggggcggca gctgggggct actgcacgca 7620
60
         ccttttacta aagccagttt cctggttctg atggtattgg ctcagttatg ggagactaac 7680
         cataggggag tggggatggg ggaacccgga ggctgtgcca tctttgccat gcccgagtgt 7740
         cotgggcagg ataatgetet agagatgeec acgteetgat teccecaaac etgtggacag 7800
         aaccegeceg geeceaggge etttgeaggt gtgateteeg tgaggaceet gaggtetggg 7860
         atcetteggg actacetgea ggcccgaaaa gtaatecagg ggttetggga agaggeggge 7920
 65
         aggagggtca gaggggggca gcctcaggac gatggaggca gtcagtctga ggctgaaaag 7980
```

```
ggagggaggg cctcgagccc aggcctgcaa gcgcctccag aagctggaaa aagcggggaa 8040
        gggaccetee aeggageetg cageaggaag geaeggetgg ceettageee aeeagggeee 8100
        atogtggacc tccggcctcc gtgccatagg agggcactcg cgctgccctt ctagcatgaa 8160
        gtgtgtgggg atttgcagaa gcaacaggaa acccatgcac tgtgaatcta ggattatttc 8220
5
        aaaacaaagg tttacagaaa catccaagga cagggctgaa gtgcctccgg gcaagggcag 8280
        gttatgctct tgttgcccag gctggagtgc agcggcatga tcttggctca ctgcaacctc 8400
        cgtctcctgg gttcaagcaa ttctcgtgcc tcagcctccc aagtagctgg gatttcaggc 8460
       gtgcaccacc acacceggct aattttgtat ttttagtaga gatgggcttt caccatgttg 8520
10
        gtcaagctga tctcaaaatc ctgacctcag gtgatccgcc cacctcagcc tcccaaagtg 8580
        ctgggattac aggcatgagc cactgcacct ggcctattta accattttaa aacttccctg 8640
        ggctcaagtc acacccactg gtaaggagtt catggagttc aatttecect ttactcagga 8700
        gttaccetce tetgatattt tetgtaatte teegtagaet ggggatacae egtetettga 8760
        catattcaca gtttctgtga ccacctgtta tcccatggga cccactgcag gggcagctgg 8820
15
        gaggetgeag getteaggte ceagtggggt tgecatetge cagtagaaac etgatgtaga 8880
        atcagggege aagtgtggac actgteetga atcteaatgt etcagtgtgt getgaaacat 8940
        gtagaaatta aagtccatcc ctcctactct actgggattg agccccttcc ctatccccc 9000
        ccaggggcag aggagttcct ctcactcctg tggaggaagg aatgatactt tgttattttt 9060
        20
        ggtttcactc ttgttgctca ggctggaggg agtgcaatgg cgcgatcttg gcttactgca 9180
        geotetgeet eccaggitea agigattete etgetteege etcecatitg geigggatia 9240
        caggcacccg ccaccatgcc cagctaattt tttgtatttt tagtagagac gggggtgggt 9300
        ggggttcacc atgttggcca ggctggtctc gaacttctga cctcagatga tccacctgcc 9360
        totgootcot aaagtgotgg gattacaggt gtgagccacc atgoocagot cagaatttac 9420
25
        totgtttaga aacatotggg totgaggtag gaagotcaco coactoaagt gttgtggtgt 9480
        tttaagccaa tgatagaatt tttttattgt tgttagaaca ctcttgatgt tttacactgt 9540
        gatgactaag acatcatcag cttttcaaag acacactaac tgcacccata atactggggt 9600
        gtettetggg tateageaat etteattgaa tgeegggagg egttteeteg ceatgeacat 9660
        ggtgttaatt actocagcat aatottotgo ttocatttot totottocot ottttaaaat 9720
30
        tgtgttttct atgttggctt ctctgcagag aaccagtgta agctacaact taacttttgt 9780
        tggaacaaat tttccaaacc gcccctttgc cctagtggca gagacaattc acaaacacag 9840
        ccctttaaaa aggcttaggg atcactaagg ggatttctag aagagcgacc tgtaatccta 9900
        agtatttaca agacgagget aacctccage gagegtgaca geecagggag ggtgegagge 9960
        ctgttcaaat gctagctcca taaataaagc aatttcctcc ggcagtttct gaaagtagga 10020
35
        aaggttacat ttaaggttgc gtttgttagc atttcagtgt ttgccgacct cagctacagc 10080
        atccctgcaa ggcctcggga gacccagaag tttctcgccc ccttagatcc aaacttgagc 10140
        aacccggagt ctggattcct gggaagtcct cagctgtcct gcggttgtgc cggggcccca 10200
        ggtctggagg ggaccagtgg ccgtgtggct tctactgctg ggctggaagt cgggcctcct 10260
        agetetgeag teegaggett ggageeaggt geetggaeee egaggetgee etecaceetg 10320
40
        tgcgggcggg atgtgaccag atgttggcct catctgccag acagagtgcc ggggcccagg 10380
        gtcaaggccg ttgtggctgg tgtgaggcgc ccggtgcgcg gccagcagga gcgcctggct 10440
        ccatttccca ccctttctcg acgggaccgc cccggtgggt gattaacaga tttggggtgg 10500
        tttgctcatg gtggggaccc ctcgccgcct gagaacctgc aaagagaaat gacgggcctg 10560
        tgtcaaggag cccaagtcgc ggggaagtgt tgcagggagg cactccggga ggtcccgcgt 10620
45
        gecegtecag ggageaatge gteetegggt tegteeccag eegegtetae gegeeteegt 10680
        ceteceette aegteeggea ttegtggtge eeggageeeg aegeeeeggg teeggaeetg 10740
        gaggcagccc tgggtctccg gatcaggcca gcggccaaag ggtcgccgca cgcacctgtt 10800
        cccagggcct ccacatcatg gcccctccct cgggttaccc cacagcctag gccgattcga 10860
        cetetetecg etggggeett egetggegte eetgeaceet gggagegega geggegege 10920
50
        ggcggggaag cgcggcccag acccccgggt ccgcccggag cagctgcgct gtcggggcca 10980
        ggccgggctc ccagtggatt cgcgggcaca gacgcccagg accgcgctcc ccacgtggcg 11040
        gagggactgg ggacceggge acceptectg ecectteace ttecagetee gesteeteeg 11100
        cgcggacccc gccccgtccc gacccctccc gggtccccgg cccagcccc tccgggccct 11160 cccagcccct cccttcctt tccgcggccc cgccctctc tcgcggcgc agtttcaggc 11220
55
        agegetgegt cetgetgege acgtgggaag ceetggeece ggecaceece gegatg
         <210> 4
         <211> 104
         <212> DNA
60
         <213> Homo sapiens
         gradderec cedddared edreedderd darradda eddeeddad darradda eo
         catgoggaga geagegeagg egacteaggg egetteece geag
65
```

```
<210> 5
        <211> 8616
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
 5
        <400> 5
        graggaggt ggraggccgtc gagggcccag gccccagagc rgaargcagr aggggcrcag 60
        aaaagggggc aggcagagcc ctggtcctcc tgtctccatc gtcacgtggg cacacgtggc 120
        ttttcgctca ggacgtcgag tggacacggt gatctctgcc tctgctctcc ctcctgtcca 180
10
        gtttgcataa acttacgagg ttcaccttca cgttttgatg gacacgcggt ttccaggcgc 240
        cgaggccaga gcagtgaaca gaggaggctg ggcgcggcag tggagccggg ttgccggcaa 300
        tggggagaag tgtctggaag cacagacgct ctggcgaggg tgcctgcagg ttacctataa 360
        teetettege aattteaagg gtgggaatga gaggtgggga egagaaccc etetteetgg 420
        gggtgggagg taagggtttt gcaggtgcac gtggtcagcc aatatgcagg tttgtgttta 480
15
        agatttaatt gtgtgttgac ggccaggtgc ggtggctcac gccggtaatc ccagcacttt 540
        gggaagetga ggeaggtgga teacetgagg teaggagttt gagaceagee tgaceaacat 600
        ggtgaaaccc tatctgtact aaaaatacaa aaattagctg ggcatggtgg tgtgtgcctg 660
        taatcccagc tacttgggag gctgaggcag gagaatcact tgaacccagg aggcggaggc 720
        tgcagtgagc tgagattgtg ccattgtact ccagcctggg cgacaagagt gaaactctgt 780
20
        ctttaaaaaa aaaaagtgtt cgttgattgt gccaggacag ggtagaggga gggagataag 840
        actgttctcc agcacagatc ctggtcccat ctttaggtat gaagagggcc acatgggagc 900
        agaggacagc agatggetec acctgctgag gaagggacag tgtttgtggg tgttcagggg 960
        atggtgctgc tgggccctgc cgtgtcccca ccctgttttt ctggatttga tgttgaggaa 1020
        ceteogetee ageceettt tggeteecag tgeteecagg ceetacegtg geagetagaa 1080
25
        gaagtcccga tttcacccc tccccacaaa ctcccaagac atgtaagact tccggccatg 1140
        aaaagtcata taacatgaga ttggcactcc taacaccgtt ttctgtgtac agtgcagaat 1260
        tgctaactcg gcggtgttta cagcaggttg cttgaaatgc tgcgtcttgc gtgactggaa 1320
        gtccctaccc atcgaacggc agctgcctca cacctgctgc ggctcaggtg gaccacgccg 1380
30
        agtcagataa gcgtcatgca acccagtttt gctttttgtg ctccagcttc cttcgttgag 1440
        gagagtttga gttctctgat caggactctg cctgtcattg ctgttctctg acttcagatg 1500
        aggtcacaat ctgcccctgg cttatgcagg gagtgaggcg tggtccccgg gtgtccctgt 1560
        cacgtgcagg gtgagtgagg cgttgccccc aggtgtccct gtcacgtgta gggtgagtga 1620
        ggcgcggccc ccgggtgtcc ctgtcccgtg cagcgtgatt gaggtgtggc ccccgggtgt 1680
35
        ccctgtcacg tgtagggtga gtgaggcgcc atccccgggt gtccctgtca cgtgtagggt 1740
        gagtgaggeg tggtccccgg gtgtccctgt cccgtgcagg gtgagtgagg cactgtcccc 1800
        gggtgtccct gtcacgtgca gggtgagtga ggcgcggtcc ccgggtgtcc ctctcaggtg 1860
        tagggtgagt gaggcgcggc cccagggtgt ccctgtcacg tgtagggtga gtgaggcacc 1920
        greectgggt greecteeca ggratagggr gagrgaggea ergreecegg grgreectgt 1980
40
        cacgigcagg gigagigagg cgcggccccc gggigiccci cicaggigca gggigagiga 2040
        ggcgctgtcc ctgggtgtcc ctgtctcgtg tagggtgagt gaggetetgt ccccaggtgt 2100
        cettggcgtt tgeteacttg agettgetee tgaatgtttg etettetat agecacaget 2160
        gegeeggttg cecattgeet gggtagatgg tgeaggegea gtgetggtee ceaageetat 2220
        cttttctgat geteggetet tettggteae eteteegtte cattttgeta eggggacaeg 2280
45
        ggactgcagg ctctcgcctc ccgcgtgcca ggcactgcag ccacagcttc aggtccgctt 2340
        gentetyttg ggentggett geteaceaeg tgenegenae atgeatgetg ccaatantee 2400
        teteccaget tgtetcatge egaggetgga etetgggetg cetgtgtetg etgccaegtg 2460
        ttgctggaga catcccagaa agggttctct gtgccctgaa ggaaagcaag tcaccccagc 2520
        cocctcactt gtcctgtttt ctcccaaget gccctctgc ttggccccct tgggtgggtg 2580
50
        geaacgettg teacettatt etgggeacet geegeteatt gettaggetg ggetetgeet 2640
        ccagtegece ceteacatgg attgaegtee agecacaggt tggagtgtet ctgtetgtet 2700
        cctgctctga gacccacgtg gagggccggt gtctccgcca gccttcgtca gacttccctc 2760
        ttgggtctta gttttgaatt tcactgattt acctctgacg tttctatctc tccattgtat 2820
        55
         cototaagtg otgoottaco tgoaccotgt gttttgatgt gaagtaatot caacatcago 2940
        cactttcaag tgttcttaaa atacttcaaa gtgttaatac ttcttttaag tattcttatt 3000
         ctgtgatttt tttctttgtg cacgctgtgt tttgacgtga aatcattttg atatcagtga 3060
         cttttaagta ttctttagct tattctgtga tttctttgag cagtgagtta tttgaacact 3120
         gtttatgttc aagatatgta gagtatcaag atacgtagag tattttaagt tatcatttta 3180
60
         ttattgattt ctaactcagt tgtgtagtgg tctgtataat accaattatt tgaagtttgc 3240
         ggagccttgc tttgtgatct agtgtgtgca tggtttccag aactgtccat tgtaaatttg 3300
         acatectyte aatagtygge atgeatytte actatateca gettattaag gtecagtyca 3360
         aagettetgt eteettetag atgeatgaaa tteeaagaag gaggeeatag teeeteacet 3420
         gggggatggg tetgtteatt tettetegtt tggtageatt tatgtgagge attgttaggt 3480
 65
         gcatgcacgt ggtagaattt ttatcttcct gatgagtgaa tcttttggag acttctatgt 3540
```

```
ctctagtaat ctagtaattc tttttttaaa ttgctcttag tactgccaca ctgggcttct 3600
        tttgattagt attttcctgc tgtgtctgtt ttctgccttt aatttatata tatatata 3660
        ttttttttt ttttgagaca gagtcttggt ctgtcgccca gggtgagtgc agtggtgtga 3720
        tracaggica gigitaactti taccitotgg cotgagoogt cototcacci cagootootg 3780
 5
        agtagetgga actgeagaca egeacegeta cacetggeta atttttaaat tttttetgga 3840
        gacagggtet tgetgtgttg cecaggetgg teteaaacte ttggaeteaa gggateeate 3900
        tacctcggct tcccaaagtg ctgaattaca ggcatgagcc accatgtctg gcctaatttt 3960
        caacactttt atattettat agtgtgggta tgteetgtta acagcatgta ggtgaattte 4020
        caatccagtc tgacagtcgt tgtttaactg gataacctga tttattttca ttttttgtc 4080
10
        actagagacc cycctygtyc actctgattc tccacttycc tyttycatyt cctcyttccc 4140
        tigiticica ccaccicity ggitgccaty tycyticci gccgagtgtg tgitgatcct 4200
        ctcgttgcct cctggtcact gggcatttgc ttttatttct ctttgcttag tgttaccccc 4260
        tgatcttttt attgtcqttq tttgcttttg tttattgaga cagtctcact ctgtcaccca 4320
        ggctggagtg taatggcaca atctcggctc actgcaacct ctgcctcctc ggttcaagca 4380
15
        gttctcattc ctcaacctca tgagtagctg ggattacagg cgcccaccac cacgcctggc 4440
        taatttttgt atttttagta gagataggct ttcaccatgt tggccaggct ggtctcaaac 4500
        tectgacete aagtgatetg eeegeettgg ceteccacag tgetgggatt acaggtgcaa 4560
        gccaccgtgc ccggcatacc ttgatctttt aaaatgaagt ctgaaacatt gctacccttg 4620
        tcctgagcaa taagaccctt agtgtatttt agctctggcc acccccagc ctgtgtgctg 4680
20
        ttttccctgc tgacttagtt ctatctcagg catcttgaca cccccacaag ctaagcatta 4740
        ttaatattgt tttccgtgtt gagtgtttct gtagctttgc ccccgccctg cttttcctcc 4800
        tttgttcccc gtctgtcttc tgtctcaggc ccgccgtctg gggtcccctt ccttgtcctt 4860
        tgcgtggttc ttctgtcttg ttattgctgg taaaccccag ctttacctgt gctggcctcc 4920
        atggcatcta gcgacgtccg gggacctctg cttatgatgc acagatgaag atgtggagac 4980
25
        tcacgaggag ggcggtcatc ttggcccgtg agtgtctgga gcaccacgtg gccagcgttc 5040
        cttagccagt gagtgacagc aacgtccgct cggcctgggt tcagcctgga aaaccccagg 5100
        catgtegggg tetggtgget eegeggtgte gagtttgaaa tegegeaaac etgeggtgtg 5160
        gegecagete tgaeggtget geetggeggg ggagtgtetg etteeteet tetgettggg 5220
        aaccaggaca aaggatgagg ctccgagccg ttgtcgccca acaggagcat gacgtgagcc 5280
30
        atgtggataa ttttaaaatt tctaggctgg gcgcggtggc tcacgcctgt aatcccagca 5340
        ctttgggagg ccaaggcggg tggatcacga ggtcaggagg tcgagaccat cctggccaac 5400
        atgatgaaac cccatctgta ctaaaaacac aaaaattagc tgggcgtggt ggcgggtgcc 5460
        tgtaatccca gctactcggg aggctgaggc aggagaattg cttgaacctg ggagttggaa 5520
        gttgcagtga gccgacattg caccactgca ctccagcctg gcaacacagc gagactctgt 5580
35
        ctcaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aattctagta gccacattaa aaaagtaaaa 5640
        aagaaaaggt gaaattaatg taataataga ttttactgaa gcccagcatg tccacacctc 5700
        atcattttag ggtgttattg gtgggagcat cactcacagg acatttgaca ttttttgagc 5760
        tttgtctgcg ggatcccgtg tgtaggtccc gtgcgtggcc atctcggcct ggacctgctg 5820
        ggcttcccat ggccatggct gttgtaccag atggtgcagg tccgggatga ggtcgccagg 5880
40
         ccctcagtga gctggatgtg cagtgtccgg atggtgcacg tctgggatga ggtcgccagg 5940
        ccctgctgtg agctggatgt gtggtgtctg gatggtgcag gtcaggggtg aggtctccag 6000
        gccctcggtg agctggaggt atggagtccg gatgatgcag gtccggggtg aggtcgccag 6060
        geoetgetgt gagetggatg tgtggtgtet ggatggtgca ggteaggggt gaggteteca 6120
        ggccctcggt aagctggagg tatggagtcc ggatgatgca ggtccggggt gaggtcgcca 6180
45
         ggccctgctq tqaqctqqat qtqtqqtqtc tggatgqtgc aggtctgggg tgaggtcacc 6240
         aggccctgcg gtgagctggg tgtgcggtgt ctggatggtg caggtctgga gtgaggtcgc 6300
        cagacggtgc cagaccatgc ggtgagctgg atatgcggtg tccggatggt gcaggtctgg 6360
         ggtgaggttg ccaggccctg ctgtgagttg gatgtggggt gtccggatgc tgcaggtccg 6420
        gtgtgaggtc accaggccct gctgtgagct ggatgtgtgg tgtctggatg gtgcaggtct 6480
50
         ggggtgaagg tcgccaggcc cctgcttgtg agctggatgt gtggtgtctg gatggtgcag 6540
         gtctggagtg aggtcgccag gccctcggtg agctggatgt gcagtgtcca gatggtgcag 6600
         gtccggggtg aggtcgccag accetgcggt gagctggatg tgcggtgtct ggatggtgca 6660
         ggtctggagt gaggtcgcca ggccctcggt gagctggatg tatggagtcc ggatggtgcc 6720
         ggtccggggt gaggtcgcca gaccctgctg tgagctggat gtgcggtgtc tggatggtac 6780
55
         aggletggag tgaggtegee agaccetget gtgagetgga tatgeggtgt ceggatggtg 6840
         caggicaggg gigaggicic caggicciting gigagiting gigagiting gigagiting coggatigating 6900
         caggiceggg gigaggiege caggecetge igtgaactgg aigtgeggeg ictggaiggi 6960
         gcaggtetgg ggtgtggteg ccaggeeete ggtgagetgg aggtatggag teeggatgat 7020
         gcaggtccgg ggtgaggtcg ccaggccctg ctgtgagctg gatgtgcggc gtctggatgg 7080
60
         tgcaggtctg gggtgtggtc gccaggccct cggtgagctg gaggtatgga gtccggatga 7140
         tgcaggtccg gggtgaggtt gccaggccct gctgtgagct ggatgtgctg tatccggatg 7200
         gtgcagtccg gggtgaggtc gccaggccct gctgtgagct ggatgtgctg tatccggatg 7260
         gtgcaggtct ggggtgaggt caccaggccc tgcggtgagc tggttgtgcg gtgtccggtt 7320
         getgeaggte eggggtgagt tegeeaggee eteggtgage tggatgtgeg gtgteeeegt 7380
65
         greeggargg rgeaggreea gggrgaggre geraggeeet rggrgggerg gargrgeegt 7440
```

```
gtccggatgg tgcaggtctg gggtgaggtc gccaggcctt tggtgagctg gatgtgcggt 7500
        gtctgcatgg tgcaggtctg gggtgaggtc gccaggccct tggtgggctg gatgtgtggt 7560
        gtccggatgg tgcaggtccg gcgtgaggtc gccaggccct gctgtgagct ggatgtgcgg 7620
        tgtctggatg gtgcaggtcc ggggtgaggt agccaaggcc ttcggtgagc tggatgtggg 7680
 5
        gtgtccggat ggtgcaggtc cggggtgagg tcgccaggcc ctgcggttag ctggatatgc 7740
        ggtgtccgga tggtgcaggt ccggggtgag gtcaccaggc cctgcggtta gctggatgtg 7800
        cggtgtctgg atggtgcagg tccggggtga ggtcgccagg ccctgctgtg agctggatgt 7860
        gctgtatccg gatggtgcag gtccggggtg aggtcgccag gccctgcagt gagctggatg 7920
        tgctgtatcc ggatggtgca ggtctggcgt gaggtcgcca ggccctgcgg ttagctggat 7980
10
        atgcggtgtc ggatggtgca ggtccggggt gaggtcacca ggccctgcgg ttagctggat 8040
        gtgeggtgte eggatggtge aggtetgggg tgaggtegee aggeeetget gtgagetgga 8100
        tgtgctgtat ceggatggtg caggtceggg gtgaggtcgc caggccetgc ggtgagetgg 8160
        atgtgctgta tccggatggt gcaggtctgg cgtgaggtcg ccaggccctg cggtgagctg 8220
        gatgtgcagt gtacggatgg tgcaggtccg gggtgaggtc gccaggccct gcggtgggct 8280
15
        gtatgtgtgt tgtctggatg gtgcaggtcc ggggtgagtt cgccaggccc tgcggtgagc 8340
        tggatgtgtg gtgtctggat gctgcaggtc cggggtgagt tcgccaggcc ctcggtgagc 8400
        tggatatgcg gtgtccccgt gtccgaatgg tgcaggtcca gggtgaggtc gccaggccct 8460
        tggtgggetg gatgtgeegt gteeggatgg tgeaggtetg gggtgaggte geeaggeeet 8520
        tggtgagetg gatgtgeggt gteeggatgg tgeaggteeg gggtgaggte accaggeeet 8580
20
        cggtgatctg gatgtggcat gtccttctcg tttaag
        <210> 6
        <211> 2089
        <212> DNA
25
        <213> Homo sapiens
        <400> 6
        gtactgtatc cccaegccag gcctctgctt ctcgaagtec tggaacacca gcccggcctc 60
        agcatgogcc tgtctccact tgcctgtgct tccctggctg tgcagctctg ggctgggagc 120
30
        caggggcccc gtcacaggcc tggtccaagt ggattctgtg caaggctctg actgcctgga 180
        gctcacgttc tcttacttgt aaaatcagga gtttgtgcca agtggtctct agggtttgta 240
        aagcagaagg gatttaaatt agatggaaac actaccacta gcctccttgc ctttccctgg 300
        gatgtgggtc tgattctctc tctcttttt ttttcttttt tgagatggag tctcactctg 360
        ttgcccaggc tggagtgcag tggcataatc ttggctcact gcaacctcca cctcctgggt 420
35
        ttaagegatt caccageete ageeteetaa gtagetggga ttacaggeae etgecaceae 480
        gcctggctaa tttttgtact tttaggagag acggggtttc accatgttgg ccaggctggt 540
        ctcgaactca tgacctcagg tgatccaccc accttggcct cccaaagtgc tgggtttaca 600
        ggctaagcca ccgtgcccag cccccgattc tcttttaatt catgctgttc tgtatgaatc 660
        ttcaatctat tggatttagg tcatgagagg ataaaatccc acccacttgg cgactcactg 720
40
        cagggagcac ctgtgcaggg agcacctggg gataggagag ttccaccatg agctaacttc 780
        taggtggctq catttgaatq gctgtgagat tttgtctgca atgttcggct gatgagagtg 840
        tgagattgtg acagattcaa gctggatttg catcagtgag ggacgggagc gctggtctgg 900
        gagatgccag cctggctgag cccaggccat ggtattagct tctccgtgtc ccgcccaggc 960
        tgactgtgga gggctttagt cagaagatca gggcttcccc agctcccctg cacactcgag 1020
45
        tccctggggg gccttgtgac accccatgcc ccaaatcagg atgtctgcag agggagctgg 1080
        cagcagacet cgtcagaggt aacacageet etgggetggg gaceeegacg tggtgetggg 1140
        gccatttcct tgcatctggg ggagggtcag ggctttccct gtgggaacaa gttaatacac 1200
        aatgcacctt acttagactt tacacgtatt taatggtgtg cgacccaaca tggtcatttg 1260
        accagtattt tggaaagaat ttaattgggg tgaccggaag gagcagacag acgtggtggt 1320
50
        ccccaagatg ctccttgtca ctactgggac tgttgttctg cctggggggc cttggaggcc 1380
        cotectecet ggacagggta cogtgoettt totactetge tgggeetgeg geotgeggte 1440
        agggcaccag ctccggagca cccgcggccc cagtgtccac ggagtgccag gctgtcagcc 1500
        acagatgccc aggtccaggt gtggccgctc cagcccccgt gcccccatgg gtggttttgg 1560
        gggaaaaggc caagggcaga ggtgtcagga gactggtggg ctcatgagag ctgattctgc 1620
55
        teettggetg agetgeeetg ageageetet eeegeeetet eeatetgaag ggatgtgget 1680
        ctttctacct gggggtcctg cctggggcca gccttgggct accccagtgg ctgtaccaga 1740
        gggacaggca teetgtgtgg aggggcatgg gttcacgtgg ceecagatge ageetgggac 1800
        caggetecet ggtgetgatg gtgggacagt caccetgggg gttgacegee ggactgggcg 1860
         tccccagggt tgactatagg accaggtgtc caggtgccct gcaagtagag gggctctcag 1920
60
         aggogtotgg ctggcatggg tggacgtggc cccgggcatg gccttcagcg tgtgctgccg 1980
         tgggtgccct gagccctcac tgagtcggtg ggggcttgtg gcttcccgtg agcttccccc 2040
         tagtotgttg totggotgag caageotoot gaggggotot ctattgcag
```

```
<210> 7
        <211> 687
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
5
        qtqqctqtqc tttgqtttaa cttccttttt aaacagaagt gcgtttgagc cccacatttg 60
        gtatcagett agatgaaggg cccggaggag gggccacggg acacagccag ggccatggca 120
        cggcgccaac ccatttgtgc gcacagtgag gtggccgagg tgccggtgcc tccagaaaag 180
10
        cagcgtgggg gtgtaggggg ageteetggg geagggaeag getetgagga eeacaagaag 240
        caqceqqqcc agggcctgga tgcagcacgg cccgaggtcc tggatccgtg tcctgctgtg 300
        gtgcgcagcc tccgtgcgct tccgcttacg gggcccgggg accaggccac gactgccagg 360
        ageceacegg getetgagga teetggaeet tgeeceacgg eteetgeace ceacceetgt 420
        qqctqcqqtq qctqcgqtga ccccqtcatc tqaggaqaqt qtggggtgag gtggacagag 480
15
        gtgtggcatg aggatcccgt gtgcaacaca catgcggcca ggaacccgtt tcaaacaggg 540
        totgaggaag otgggagggg ttotaggtoo ogggtotggg tggotgggga cactggggag 600
        gggctgcttc tecectgggt cectatggtg gggtgggcac ttggccggat ccactttcct 660
        gactgtetee catgetgtee cegecag
20
        <210> 8
        <211> 494
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
25
        gtgggtgccg gggacccccg tgagcagccc tgctggacct tgggagtggc tgcctgattg 60
        gcacctcatg ttgggtggag gaggtactcc tgggtgggcc gcagggagtg caggtgaccc 120
        tgtcactgtt gaggacacac ctggcaccta gggtggaggc cttcagcctt tcctgcagca 180
        catggggeeg actgtgeace etgactgeee gggeteetat teccaaggag ggteecactg 240
30
        qattccaqtt tccqtcaqaq aaggaaccgc aacggctcag ccaccaggcc ccggtgcctt 300
        gcaccccagt cctgagccag gggtctcctg tcctgaggct cagagagggg acacagcccg 360
        ccctgccctt ggggtctgga gtggtggggg tcagagagag agtgggggac accgccaggc 420
        caggecetga gggcagaggt gatgtetgag tttetgegtg gecaetgtea gteteetege 480
        ctccactcac acag
35
        <210> 9
        <211> 865
        <212> DNA
         <213> Homo sapiens
40
        graaggttca cgtgtgatag tcgtgtccag gatgtgtgtc tctgggatat gaatgtgtct 60
         agaatgcagt cgtgtctgtg atgcgtttct gtggtggagg tacttccatg atttacacat 120
         ctgtgatatg cgtgtgtggc acgtgtgtgt cgtggtgcat gtatctgtgg cgtgcatatt 180
45
         tgtggtgtgt gtgtgtgtgg cacgtgtgtg tccatggtgt gtgtgcctgt ggtgtgcatg 240
         tgtgtgtgtc tgtgacacgt gcatgttcat gctgtgtgct gcatgtctgt gatgtgccta 300
         tttgtggtgt gtgtgtgcat gtgtccgtga catatgcgtg tctatggcat gggtgtgtgt 360
         ggccccttgg cettactcct tectecteca ggcatggtcc geaceattgt ceteaegete 420
         tegggtgetg gtttggggag etecacatte agggteetea ettetageat gggtgeceet 480
50
         gtectgteac agggetggge cttggagact gtaagccagg tttgagagga gagtagggat 540
         getggtggta cetteetgga ceeetggeac ceeeaggace ceagtetgge etatgeegge 600
         tccatgagat ataggaagge tgattcagge etegetecce gggacacact ceteccagag 660
         cggccggggg ccttggggct cggcaggggt gaaaggggcc ctgggcttgg gttcccaccc 720
         agtggtcatg agcacgctgg aggggtaagc cctcaaagtc gtgccaggcc ggggtgcaga 780
55
         ggtgaaqaag tatccctgga gcttcggtct ggggagaggc acatgtggaa acccacaagg 840
         acctettet etgaettett gaget
         <210> 10
         <211> 3782
60
         <212> DNA
         <213> Homo sapiens
         tgtgggattg gttttcatgt gtgggatagg tggggatctg tgggattggt ttttatgagt 60
 65
         ggggtaacac agagttcaag gcgagctttc ttcctgtagt gggtctgcag gtgctccaac 120
```

```
agetttattg aggagaccat atetteettt gaactatggt egggtttata gtaagteagg 180
        ggtgtggagg cctccctgg gctccctgtt ctgtttcttc cactctgggg tcgtgtggtg 240
        cotgotgtgg tgtgtggceg gtgggcaggg cttccaggcc tccttgtgtt cattggcetg 300
        gatgtggccc tggctacgct ccgtccttgg aattcccctg cgagttggag gctttctttc 360
 5
        tttctttttt tctttctttt ttttttttt tgataacaga gtctcgctct tttttgccca 420
        ggctggagtg gtttggcgtg atcttggctc actgcaacct gtgcttcctg agttcaagca 480
        attetettge etcageetce caagtagetg gaattatagg egeccaccae catgetgact 540
        aatttttgta attttagtag agacgaggtt totocatgtt ggocaggotg gtotogaact 600
        cetgacetca ggtgatcete ceacetegge etcecaaagt getgggatga caggtgtgaa 660
10
        ccgccgcgcc cggccgagac tcgcttcctg cagcttccgt gagatctgca gcgatagctg 720
        cotgoagoot tggtgctgac aacctccgtt ttccttctcc aggtctcgct aggggtcttt 780
        ccatttcatg actotottca cagaagagtt tcacgtgtgc tgatttcccg gctgtttcct 840
        gegtaattgg tgtetgetgt ttategatgg ceteetteea ttteetttag getttgttta 900
        ttgttgtttt tccggctcct tgaaggaaaa gtttcgatta tggatgtttg aactttcttt 960
15
        totaaacaag catotgaagt tgoogtttto cototaaagc agggatocog aggcoootgg 1020
        ctgtggagtg gcaccggtct ggggcctgtt aggaacccgg cgcacagcgg gaggctaggt 1080
        ggggtgtggg gagccagegt tecegeetga geecegeece teteagatea geagtggeat 1140
        geggtgetea gaggegeaca caccetactg agaactgtge gtgagagggg tetagattet 1200
        gtgeteetta tgggaateta atgeetgatg atetgaggtg gaacegtttg eteccaaaac 1260
20
        cateccette eccaetgetg teetgtggaa aaategtett ecaegaaace agtecetggt 1320
        accacaatgg ttggggaccc tgtgctaaag acctgcttca gcagcctctc gtcagtgttg 1380
        atatattggc ttttctgtgt tgagtccaga ataattacgg atttctgtga tgctttccgc 1440
        cgacctcaga cccatgggct atttgtgggc gtgttgcctg ctcctgggtt gggaagggtg 1500
        caggeeceat gracetteet gracetgeet tecaggitigg tretcagggt tgaategrae 1560
25
        togatgtggt tttagcccac ggccctgccg ccagctcctg ggggctgggg aacatgctga 1620
        agcacagagt caccgtgcgc gtcttttgat gcctcacaag ctcgaggcct cctgtgtccg 1680
        tgttagtgtg tgtcacgtgc ctgctcacat cctgtcttgg ggacgcaggg gcttagcagg 1740
         tecegtagta aatgacaage gteetggggg agtetgeaga ataggaggtg ggggtgeegg 1800
        tetetetece gegtetteag actetetee tgeetgtget gtggetgeae etgeatecet 1860
30
        gcaatccctc cagcactggg ctggagaggc ccgggagete gagtgccact tgtgccacgt 1920
         gactgtggat ggcagtcggt cacgggggtc tgatgtgtgg tgactgtgga tggcggttgg 1980
         tcacaggggt ctgatgtgtg gtgactgtgg atggcggtcg tggggtctga tgtggtgact 2040
        gtggatggcg gtcgtggggt ctgatgtgtg gtgactgtgg atggcggtcg tggggtctga 2100 tgtgggtgact gtggatggcg gtcgtggggt ctgatgtggt gactgtggat ggcggtcgtg 2160
35
         gggtctgatg tggtgactgt ggatggcagt cgtggggtct gatgtgtggt gactgtggat 2220
         ggcggtcgtg gggtctgatg tggtgactgt ggatggcagt cgtggggtct gatgtgtggt 2280
        gactgtggat ggcggtcgtg gggtctgatg tgtggtgact gtggatggcg gtcgtggggt 2340
         ctgatgtgtg gtgactgtgg atggcggtcg tggggtctga tgtgtggtga ctgtggatgg 2400
         cggtcgtggg gtctgatgtg gtgactgtgg atggcggtcg tggggtctga tgtgtggtga 2460
40
         ctgtggatgg tgatcggtca caggggtctg atgtgtggtg actgtggatg gcggtcgtgg 2520
         ggtctgatgt gtggtgactg tggatggtga tcggtcacag gggtctgatg tgtggtgact 2580
         gtggatggcg gtcgtggggt ctgatgtgtg gtgactgtgg atggcggttg gtcccggggg 2640
         totgatgtgt ggtgactgtg gatggcgatc ggtcacaggg gtctgatgtg tggtgactgt 2700
         ggatggcggt cgtggggtct gatgtgtggt gactgtggat ggcggtcgtg gggtctgatg 2760
45
         tgtggtgact gtggatggcg gtcgtggggt ctgatgtggt gactgtggat ggcggtcgtg 2820
         gggtctgatg tggtgactgt ggatggcggt cgtggggtct gatgtgtggt gactgtggat 2880
         ggcggttggt cccgggggtc tgatgtgtgg tgactgtgga tggcggtcgt ggggtctgat 2940
         gtggtgactg tggatggcag tcgtggggtc tgatgtgtgg tgactgtgga tggcggtcgt 3000
         ggggtctgat gtgtggtgac tgtggatggc ggtcgtgggg tctgatgtgt ggtgactgtg 3060
50
         gatggcggtc gtggggtctg atgtgtggtg actgtggatg gcggtcgtgg ggtctgatgt 3120
         ggtgactgtg gatggcggtc gtggggtctg atgtgtggtg actgtggatg gtgatcggtc 3180
         acaggggtct gatgtgtggt gactgtggat ggcggtcgtg gggtctgatg tgtggtgact 3240
         gragatggcg gregtgggt ctgatgtggt gactgragat ggcggtcgtg gggtctgatg 3300
         tgtggtgact gtggatggcg gtcgtagggt ctgatgtgtg gtgactgtgg atggcagtcg 3360
55
         greacagggg rergargrer ggreacrer garggeggre gregggrerg argreftggre 3420
         actgtggatg gcggtcgtgg ggtctgatgt gtggtgactg tggatggcgg tcgtggggtc 3480
         tgatgtgtgg tgactgtgga tggcggtcgt ggggtctgat gtggtgactg tggatggtga 3540
         toggtcacag gggtctgatg tgtggtagct gcaggtggag tcccaggtgt gtctgtagct 3600
         actitgegte eteggeecce eggeeccegt ticceaaaca gaagetteec aggegetete 3660
60
         tgggcttcat cccgccatcg ggcttggccg caggtccaca cgtcctgatc ggaagaaaca 3720
         agtgcccagc totggccggg gcaggccaca tttgtggctc atgccctctc ctctgccggc 3780
                                                                            3782
         aq
```

```
<210> 11
        <211> 980
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
 5
        <400> 11
        gtctgggcac tgccctgcag ggttgggcac ggactcccag cagtgggtcc tcccctgggc 60
        aatcactggg ctcatgaccg gacagactgt tggccctggg gggcagtggg gggaatgagc 120
        tgtgatgggg gcatgatgag ctgtgtgcct tggcgaaatc tgagctgggc catgccaggc 180
10
        tgcgacagct gctgcattca ggcacctgct cacgtttgac tgcgcggcct ctctccagtt 240
        cogcagtgcc tttgttcatg atttgctaaa tgtcttctct gccagttttg atcttgaggc 300
        caaaggaaag gtgtccccct cctttaggag ggcaggccat gtttgagccg tgtcctgccc 360
        agetggcccc tcagtgctgg gretgaggcc aaaggaaacg tgtccccctt cttaggagga 420
        egggeegtgt ttgageeacg eccegetgag egggeetete agtgetgggt etgteeacgt 480
15
        ggccctgtgg ccctttgcag atgtggtctg tccacgtggc cctgtggctc tttgcagatg 540
        cctgttagca cttgctcggc tctaggggac agtcgtgtcc accgcatgag gctcagagac 600
        ctctgggcga atttccttgg ctcccagggt gggggtggag gtggcctggg ctgctgggac 660
        ccagaccctg tgcccggcag ctgggcagca actcctggat cacatatgcc atccgggcca 720
        cggtgggetg tgtgggtgtg agcccagctg gacccacagg tggcccagag gagacgttct 780
20
        gtgtcacaca ctctgcctaa gcccatgtgt gtctgcagag actcggcccg gccagcccac 840
        gatggccctg cattccagcc cagccccgca cttcatcaca aacactgacc ccaaaaggga 900
        eggagggtet tggecacgtg gteetgeetg teteageace caeeggetea eteccatgtg 960
        totocogtot gotttogcag
25
        <210> 12
        <211> 2485
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
30
        <400> 12
        gtgagtcagg tggccaggtg ccattgccct gcgggtggct gggcgggctg gcagggcttc 60
        tgctcacctc tctcctgccc cttccccact gnccttctgc ccggggccac cagagtctcc 120
        ttttctggcc cccgccccct ccggctcctg ggctgcaggc tcccgaggcc ccggaaacat 180
        ggctcggctt gcggcagccg gagcggagca ggtgccacac gaggcctgga aatggcaagc 240
35
        ggggtgtgga gttgctcctg cgtggaggac gaggggggg gggtgtgtct gggtcaggtg 300
         tgcgccgagc gtttgagcct gcagcttgtc agctccaagt tactactgac gctggacacc 360
        cggctctcac acgcttgtat ctctctccc cgatacaaaa ggattttatc cgattctcat 420
         tectgteet gtegtgtgae eeeegegagg gegegggete ttetetetgt gaetagattt 480
        cccatctgga aagtgcgggg ttgaccgtgt agtttgctcc tctcgggggg cctgtggtgg 540
40
         ccatggggca ggcggcctgg gagagctgcc gtcacacagc cactgggtga gccacactca 600
         cggtggtaga gccacagtgc ctggtgccac atcacgtcct ctggatttta agtaaaacca 660
        cacacctccc ggcaggcatc tgcctgcgac cctgtgtgtg cctggggaga gtggtagcac 720
        ggaggaaatt cgtgcacact caaggtcatc agcaaggtca tccgcagtca ggtggaacgt 780
         ggaggcetet etetgggate gtetecageg gataaaggae tgtgcacage tteggaaget 840
45
         tttatttaaa aatataacta ttaattattg cattataagt aatcactaat ggtatcagca 900
         attataatat ttattaaagt ataattagaa atattaagta gtacacacgt tctggaaaaa 960
         cacaaattgc acatggcagc agagtgaatt ttggccgagg gacacgtgtg cacatgtgtg 1020
         taagcggccc ccaggcccac agaattcgct gacaaagtca cctccccaga gaagccacca 1080
         egggeeteet tegtggtegt gaattttatt aagatggate aagteaegta eegteeaegt 1140
50
         gtggcagggc tttggggaat gtgaggtgat gactgcgtcc tcatgccctg acagacagga 1200
         ggtgactgtg tctgtcctgt ccctaggaca cggacaggcc cgaagctcta gtccccatcg 1260
         tggtccagtt tggcctctga ataaaaacgt cttcaaaacc tgttgcccca aaaactaaga 1320
         acagagagag tttcccatcc catgtgctca caggggcgta tctgcttgcg ttgactcgct 1380
         gggctggccg gactectaga gttggtgcgt gtgcttctgt gcaaaaagtg cagtcctctt 1440
55
         geocateact gtgatatetg caccageaag gaaageetet tttetttet ttettttt 1500
         ttttttgaga cggaacgtca ctgttgtctg cctgggcttg agtgcagtgg cgcgatctca 1560
         acteactgea accteegect coegggttee ageatttete etgecteage etccegagea 1620
         gctgagatta caggcaccca ccccctgcgc ctggctaatt tttgtatttt tagtagagag 1680
         gggtttttgc catgttggcc aggctggtct cgaactcctg acctcaggtg atccacccac 1740
60
         cteggeetee caaagtgetg ggattacagg tgtgageeat caegeecage eggaaageet 1800
         ctttttaagg tgaccaccta tagcgcttcc cgaaaataac aggtcttgtt tttgcagtag 1860
         gctgcaagcg tctcttagca acaggagtgg cgtcctgtgg gctctggggga tggctgaggg 1920
         tegegtggca gecatgeett etgtgtgcae etttaggtte caeggggcta ttetgetete 1980
         actgtttgtc tgaaaacgca cccttggcat ccttgtttgg agagtttctg Cttctcgttg 2040
65
         gtcatgctga aactaggggc aaggttgtat ccgttggcgc gcagcggcta catgtagggt 2100
```

```
catgagtett teacegtgga caaatteett gaaaaaaaaa aaaggagtee ggttaageat 2160
        tcattccggg tcaagtgtct ggttctgtga ataaactcta agatttaaga aaccttaatg 2220
        aaagaaaacc ttgatgattc agagcaagga tgtggtcaca cctgtggctg gatctgtttc 2280
        agccgcccca gtgcatggtg agagtgggga gcagggattg tttgttcaga ggtctcatct 2340
5
        ggtatgtttc tgaggtgttt gccggctgaa tggtagacgt gtcgtttgtg tgtatgaggt 2400
        tetgtgtetg tgtgtggete ggtttgagtg tacgcatgte cageacatge cetgecegte 2460
        totcacctgt gtottcccgc cccag
        <210> 13
10
        <211> 1984
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
        <400> 13
15
        gtgaggcctc ctcttcccca ggggggcttg ggtgggggtt gatttgcttt tgatgcattc 60
        agtgttaata ttcctggtgc tctggagacc atgactgctc tgtcttgagg aaccagacaa 120
        ggttgcagcc ccttcttggt atgaagccgc acgggagggg ttgcacagcc tgaggactgc 180
        gggetecaeg caggetetgt ccageggeca tgtecagagg ceteaggget cageaggegg 240
        gagggcccct qccctqcatq atgagcatqt gaattcaaca ccgaggaagc acaccagctt 300
20
        ctgtcacgtc acccaggttc cgttagggtc cttggggaga tggggctggt gcagcctgag 360
        geoceacate teccageagg ceetegacag gtggcetgga etgggegeet etteageeca 420
        ttgcccatcc cacttgcatg gggtctacac ccaaggacgc acacacctaa atategtgcc 480
        aacctaatgt ggttcaactc agctggcttt tattgacagc agttactttt tttttttaa 540
        tactttaagt tctagggtac atgtgcacga cgtgcaggtt agttacatat gtatacatgt 600
25
        gccatgttgg tgtgctgcac ccattaactc atcatttaca ttaggtatat ctcctaatgc 660
         tatecetece caetecece ateccatgae aggeeetggt gtgtgatgtt ecceaecetg 720
        tgtccaagtg ttctcattgt tcagttccca cctgtgagtg agaacatgtg gtgtttggtt 780
        ttettteett geaatagttt geteagagtg atggttteca gettegteea tgteectaca 840
        aaggacatga actcatcctt ttttatgact gcatagtatt ccgtggtgta tatgtgccac 900
30
        attttcttaa tocagtotat catogatgga catttgggtt ggttgcaagt ctttgctact 960
        gigaatagig ccgcaataaa catacgigig catgigicit tatagcagca igattiataa 1020
        tcctttgggt atatacccag taatgggatg gctgggtcaa atggtatttc tagttctaga 1080
         teettgagga ateaceacae tgtetteeae aatggttgaa etagtttaea eteecaecaa 1140
         cagtgtaaaa gtgttctggt gctggagagg atgtggacag cagttatttt tttatgaaaa 1200
35
         tagtatcact gaacaagcag acagttagtg aaggatgcgt caggaagcct gcaggccaca 1260
         cagccattte tetegaagae teegggtttt teetgtgeat ettttgaaae tetageteea 1320
         attatagcat gtacagtgga tcaaggttct tcttcattaa ggttcaagtt ctagattgaa 1380
         ataagtttat gtaacagaaa caaaaatttc ttgtacacac aacttgctct gggatttgga 1440
        ggaaagtgtc ctcgagctgg cggcacactg gtcagcctc tgggacagga tacctctggc 1500 ccatggtcat ggggcgctgg gcttgggcct gagggtcaca cagtgcacca tgcccagctt 1560
40
         cctgtggata ggatctgggt ctcggatcat gctgaggacc acagctgcca tgctggtaaa 1620
         gggcaccacg tggctcagag ggggcgaggt tcccagcccc agctttctta ccgtcttcag 1680
         ttatttttcc ctaagagtct gagaagtggg gccgcgcctg atggccttcg ttcgtcttca 1740
         gctggcacag aattgcacaa gctgatggta aacactgagt acttataatg aatgaggaat 1800
45
         tgctgtagca gttaactgta gagagctcgt ctgttggaaa gaaatttaag tttttcattt 1860
         aaccgctttg gagaatgtta ctttatttat ggctgtgtaa attgtttgac attcagtccc 1920
         togtagacag atactacgta aaaagtgtaa agttaacctt gotgtgtatt ttoccttatt 1980
         ttag
50
         <210> 14
         <211> 1871
         <212> DNA
         <213> Homo sapiens
55
         gtgaggcccg tgccgtgtgt ctgtggggac ctccacagcc tgtgggcttt gcagttgagc 60
         cccccgtgte ctgcccctgg caccgcagcg ttgtctctgc caagtcctct ctctctgccg 120
         gtgctggatc cgcaagagca gaggcgcttg gccgtgcacc caggcctggg ggcgcagggg 180
         cacctteggg agggagtggg taccgtgcag gecctggtcc tgcagagacg cacccaggtt 240
60
         acacacqtqq tqaqtqcaqq cqqtgacctq gctcctgctg ctctttggaa agtcaagagt 300
         ggcggctcct ggggccccag tgagaccccc aggagctgtg cacagggcct gcagggccga 360
         ggcggcagcc tcctccccag ggtgcacctg agcctgcgga gagcaggagc tgctgagtga 420
         gctggcccac agcgttcgct gcggtcacgt tcctgcgtgg ggttgtttgg gatcggtggg 480
         agaattttgga tttgctgagt gctgctgtct tgaaccacgg agatggctag gagtgggttt 540
65
         cagagitgat tittgtgaat caaactaaaa tcaggcacag gggacctggc ctcagcacag 600
```

```
gggattgtcc aatgtggtcc ccctcaaggg cgccccacag agccggtggg cttgttttaa 660
        agtgcgattt gacgagggac gagaaacctt gaaagctgta aagggaaccc tcagaaaatg 720
        tggccgccag gggtggtttc aggtgctttg ctgggctgtg tttgtgaaaa cccatttgga 780
        coegceetce aagtecacce tecaggteca coetceaggg cogceetggg etgggggtat 840
 5
        gcctggcgtt ccttgtgccg cagcccggag cacagcaggc tgtgcacatt taaatccact 900
        aagattcact cggggggagc ccaggtccca agcaactgag ggctcaggag tcctgaggct 960
        gctgagggga cagagcagac ggggaacgct gcttctgtgt ggcaagttcc tgagggtgct 1020
        ggccaggaa gtggctcaga gtgtatgttg gggtcccacc gggggcagaa ctctgtctct 1080
        gatgagtegg Cagccatgta acaggaaggg gtggccacag ggagctggga atgcaccagg 1140
10
        ggagctgcgc agctggccga ggtcccaggg ccaggccaca ggaagggcag ggggacgccc 1200
        ggggccacag cagaggccgc aggaagggaa ggggatgccc aggccagagc agaggctacc 1260
        gggcacaggg gggctccctg agctgggtga gcgaggctca tgactcggcg agggaacctc 1320
        cttgacgtga agctgacgac tggtgttgcc cagctcacag cccagccagg tcccgcgcct 1380
        gagcaggaac tcagaaccct ccctttgtc taaagcacag cagatgcctt cagggcatct 1440
15
        aggagaaaac aggcaaagtc gttgagaaac gtcttaaaag aaggtgggat ggtggcaatt 1500
        tottgtccag attttagtct gccccggacc acagatgagt ctataacggg attgtggtgt 1560
        tgccatgggg acacatgaga tggaccatca cagaggccac tggggctgca cctcccatct 1620
        gagteetgge tgteeegggt ceaggeeagg ttettgeatg etcacetace tgteetgeee 1680
        gggagacagg gaaagcaccc cgaagtetgg agcagggctg ggtecagget cctcagaget 1740
20
        cctgccaggc ccagcaccct gctccaaatc accacttctc tggggttttc caaagcattt 1800
        aacaagggtg tcaggttacc tcctgggtga cggccccgca tcctggggct gacattgccc 1860
        ctctqcctta q
        <210> 15
25
        <211> 3801
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
        <400> 15
30
        grgagcgcac crggccggaa grggagccrg rgcccggcrg gggcaggrgc rgcrgcaggg 60
         cogttgogtc cacctotgct toogtgtggg gcaggcgact gccaatccca aagggtcaga 120
        ggccacaggg tgcccctcgt cccatctggg gctgagcaga aatgcatctt tctgtgggag 180
        tgagggtgct cacaacggga gcagttttct gtgctatttt ggtaaaagga aatggtgcac 240
        cagacotggg tgcactgagg tgtottcaga aagcagtotg gatoogaaco caagacgccc 300
35
         gggccctgct gggcgtgagt ctctcaaacc cgaacacagg ggccctgctg ggcatgagtc 360
         cctctgaacc cgagaccctg gggccttgct gggcgtgagt ctctccgaac ccagagactt 420
         cagggccctt ttgggcgtga gtctctccgc tgtgagcccc acactccaag gctcatccac 480
         agtotacagg atgocatgag ttoatgatoa ogtgtgacco atcaggggac agggccatgg 540
         tgtgggggg gtctctacaa aattctgggg tcttgtttcc ccagagcccg agagctcaag 600
40
         gccccgtctc aggctcagac acaaatgaat tgaagatgga cacagatgca gaaatctgtg 660
        ctgtttcttt tatgaataaa aagtatcaac attccaggca gggcaaggtg gctcacacct 720
         ataatcccag cactttggga ggccgaggtg ggtggatcac ttgaggccag gagtttgagg 780
         ccaacctaac caacatagtg aaattccatt tctacttaaa aaatacaaaa attagcctgg 840
         cctggtggca cacgcctgta gtccccgcta tgcgggaggc tgaggcagga gaatcatttg 900
45
         aacccaqqaq qcaqaqqttq cagtgagccg agatcacacc actgcactcc agcctgggca 960
         acagagtgag acttcatctt aaaaaaaaaa aaaaaagtat cagcattcca aaaccatagt 1020
         ggacaggtgt ttttttattc tgtccttcga taatatttac tggtgctgtg ctagaggccg 1080
         gaactggggg tgccttcctc tgaaaggcac accttcatgg gaagagaaat aagtggtgaa 1140
         tggttgttaa accagaggtt taaactgggg tcctgtcgtt ctgagttaac agtccagatc 1200
50
         tggactttgc etetttecag aatgeteect ggggtttget teatggggga geageaggtg 1260
         tggacaccet cgtgatgggg gagcagcagg tgcagacgcc ctcatgatgg gggagtggca 1320
         ggtgcagaca cccttgtgca tggtgcccag catgtccctg ttgcagctcc ctccccacaa 1380
         ggatgccggt ctcctgtgct ccccacagte cctgcttccc tctcacagec ttacctggtc 1440
         ctggcctcca ctggctttgt ctgcatgatt tccacatttc ctgggctccc agcacctctt 1500
55
         cycototoco agycacotot gcagtyctyy ccatacoayt cagotytyaa ctytocacty 1560
         cttattttgc tecccatgaa atgtattttt taggacaggc acccetggtt ccagcetetg 1620
         gcacagcatc agtgaatgtt attgaaggac aaaggacaga caaacaaatc aggaaaatgg 1680
         gtteteteta aacacattge aaagecacag aggetagtge aggatgggtg ggcatcaggt 1740
         catcagatgt gggtccaatg ccagaatatt ctgtgctccc aaaggccact tggtcagagt 1800
60
         gtgtgcttgc agaggtggct ctaaaagctc agcagtggag gcagtggttc gccatactca 1860
         gggtgaactc acatectetg tgtetgaagt atacagcaga ggettgaagg geatetggga 1920
         gaagaaaaca ggcaaaatga ttaagaaaag tgaaaaagga aaagtggtaa gatgggaatt 1980
         ttettgteca gattttagte teccaaacca cageteagat ggtagaatgt ggteagaact 2040
         gatggacaga acaatagaac aaaacggaag ccctatctct cagaaacgtg tgttaatgtg 2100
 65
         gtatgtggca cagetgatgg aaaagagagt gtgtgtgtaa tttttttttc tgagaaaact 2160
```

```
gactggaagC aaataagttg tgtctttaca gcatatacca gagcagattc taggtagaag 2220
        aggtgaacgt tccctggttt ggtgttgggg aaggacacac agggaggcgg atgaaaccag 2340
        tgaggcaacg ggcattgctt tcactgcaga gaaactcagc ttgcctgagc cacagtgaaa 2400
        atggccattc cctggagcgt ttgtgcacgt gatttattta aggcgccctg tgaggtcctg 2460
        cacattcatc ctctcacttt gttctcctaa ccacctgaga ggtagaggag gaaaggctcc 2520
        aggggagcag cogcoottgg toaccoagot ggcaaagggc atgcatgatt gcagcotggc 2580
        ctectgetee ggggeeettg etetgeeega ggaeeecaca caagteagae ceataggete 2640
        agggtgagec ggageceaag gtegtgttgg ggatggetgt gaaagaagaa atggaegtet 2700
10
        gatgcacact tgggaaggtc ctaccagcag cgtcaaagaa atgcatgtga aactgacagc 2760
        gagacccatc cctcaaagaa acgcacgtga aactgatggc gagacctgtc cccatccctc 2820
        atgctggctc cttttctggg cttgccaaga gccagcatca ggttgaggca agctggaaag 2880
        actiticing anagoagett gittgeatgg aagteeteac aatgieetgt gietteecag 2940
        taattccact totgaagtga coagacatta toacgggtot tatttaccat ttocagtgtt 3000
15
        ccaggcaggg ggacttgcca cagcaagtca cgaacctgcc caaatacagg gctaaggaga 3060
        tattatgcat cacaaaactt gctctgccat taaacatttt tcaaagaatt tttgaagaat 3120
        gtttaatggc acaaaacgtt tatttcaatg tagcagtgtt caaagctgga tgtaaaagaa 3180
        cacaccccag gagectgccg tgaatgteat gtgtgtteat etttggacat ggacatacat 3240
        gggcagtgag tggtggtgag gccctggagg acatcggtgg gatgcctcca tcctgcccct 3300
20
        ctggagacac catgtgtgcc acgtgcactc actggagccc tgtttagctg gtgccacctg 3360
        getettecat coetgagatt caaacacagt gagattecce acgeecaact cagtgttete 3420
        ccacaaaaaa cctgagtcac acctgtgttc actcgaggga cgcccgggag ccagggctcc 3480
        acagtttatt atgtgttttt ggctgagtta tgtgcagatc tcatcagggc agatgatgag 3540
        tgcacaaaca cggccgtgcg aggtttggat acactcaaca tcactagcca ggtcctggtg 3600
25
        gagtttggtc atgcagagtc tggatggcat gtagcatttg gagtccatgg agtgagcacc 3660
        cagececete gggetgeage geatgeecea ggeaggacaa ggaageggga ggaaggeagg 3720
        aggetetttg gageaagett tgeaggaggg ggetgggtgt ggggeaggea cetgtgtetg 3780
        acattecece etgtgtetea g
30
        <210> 16
        <211> 880
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
35
        gtgagcaggc tgatggtcag cacagagttc agagttcagg aggtgtgtgc gcaagtatgt 60
        gtgtgtgtgt gtgcgcgcgt gcctgcaagg ctgatggtga ctggctgcac gtaagagtgc 120
        acatgtacgc atatacacgt gagcacatac atgtgtgcat gtgtgtacat gaaggcatgg 180
        cagtgtgtgc acaggtgtgc aagggcacaa gtgtgtgcac atgcgaatgc acacctgaca 240
40
        tgcatgtgtg ttcgtgcaca gtcgtgtggg cattcacgtg aggtgcatgc gtgtgggtgt 300
        gcagtgtgag tagcatgtgt gcacataaca tgtattgagg ggtcctcgtg ttcaccccgc 360
        taggteetca geaceagtge cacteettae aggatgagae ggggteeeag geettggtgg 420
        getgaggete tgaagetgea geeetgaggg cattgteeca tetgggeate egegteeact 480
        contetectg tgggettetg tgtccactee contetectg tgggcattta categactee 540
45
        actecetete teetgtggge atecgegtee actececete tetgtgggca tetgegteea 600
         ceteceetet etgtgggeat ttgegteeae teceteteet ggtteettee tgtettggee 660
         gagecteggg ggcaggcaga tgacacagag tettgacteg eccagggtgg ttegcagetg 720
        coggetgagg gooaggoogg atttcactgg gaagagggat agtttcttgt caaaatgttc 780
         ctctttcttg ttccatctga atggatgata aagcaaaaag taaaaactta aaatcccaga 840
50
         gaggtttcta cogtttctca ctctttcttg gcgactctag
                                                                         880
         <210> 17
         <211> 3186
         <212> DNA
55
         <213> Homo sapiens
         <400> 17
         gtgagccgcc accaaggggt gcaggcccag cctccaggga ccctccgcgc tctgctcacc 60
         totgaccogg ggottcacct tggaactoot gggttttagg ggcaaggaat gtottacgtt 120
60
         ttcagtggtg ctgctgcctg tgcacagttc tgttcgcgtg gctctgtgca aagcacctgt 180
         totocatote tgggtagtgg taggageegg tgtggeecea ggtgteecea etgtgeetgt 240
         gcactggccg tgggacgtca tggaggccat cccagggcag caggggcatg gggtaaagag 300
         atgtttatgg ggagtettag cagaggagge tgggaaggtg tetgaacagt agatgggaga 360
         tragatgere ggaggatttg gggtetrage aaagaggger gaggtgggtg caggtgaggg 420
 65
```

tegetggeec caececeggg aaggtgeage agagetgtgg etececacae ageeeggeea 480

```
geacctgtgc tetgggeatg getgtgetee tggaacgtte cetgteetgg etggteaggg 540
        ggtgcccctg ccaagaatcg acaactttat cacagaggga agggccaatc tgtggaggcc 600
        acagggccag cttctgcctg gagtcagggc aggtggtggc acaagcctcg gggctgtacc 660
        aaagggcagt Cgggcaccac aggcccgggc ctccacctca acaggcctcc cgagccactg 720
5
        ggagctgaat gccaggaggc cgaagccctc gccccatgag ggctgagaag gagtgtgagc 780
        atttgtgtta cccagggccg aggctgcgcg aattaccgtg cacacttgat gtgaaatgag 840
        gtcgtcgtct atcgtggaaa cccagcaagg gctcacggga gagttttcca ttacaaggtc 900
        gtaccatgaa aatggttttt aacccgagtg cttgcgcctt catgctctgg cagggagggc 960
        agagecacag etgeatgtta cegeetttge accageteea gaggettggg accaggetgt 1020
10
        ctcagttcca gggtgcgtcc ggctcagacc gccctcctct ctgccttctc tctctgcctc 1080
        aaatetteee tegttigeat eteectgaeg egtgeetggg eeetegtgea agetgettga 1140
        ctcctttccg gaaacccttg gggtgtgctg gatacaggtg ccactgagga ctggaggtgt 1200
        ctgacactgt ggttgacccc agggtccagc tggcgtgctt ggggcctcct tgggccatga 1260
        tgaggtcaga ggagttttcc caggtgaaaa ctcctgggaa actcccaggg ccatgtgacc 1320
15
        tgccacctgc tcctcccata ttcagctcag tcttgtcctc atttccccac cagggtctct 1380
        agctccgagg agctcccgta gagggcctgg gctcagggca gggcggctga gtttccccac 1440
        ccatgtgggg accettgggt agtcgettga ttgggtagee ctgaggagge cgagatgega 1500
        tgggccacgg gccgtttcca aacacagagt caggcacgtg gaaggcccag gaatcccctt 1560
        ccctcgaggc aggagtggga gaacggagag ctgggccccg atttcacggc agccaggctg 1620
20
        cagtgggcga ggctgtggtg gtccacgtgg cgctggggc ggggtctgat tcaaatccgc 1680
        tggggctcgg ccttcctggc ccgtgctggc cgcgcctcca cacgggcttg gggtggacgc 1740
        cccgacctct agcaggtggc tatttctccc tttggaagag agcccctcac ccatgctagg 1800
        tgtttccctc ctgggtcagg agcgtggccg tgtggcaacc ccgggacctt aggcttattt 1860
        attigittaa aaacattoig ggoolggott cogiligitgo taaalgggga aaagacatoo 1920
25
        cacctcagea gagttactga gaggetgaaa ceggggtget ggettgactg gtgtgatete 1980
        aggicatice agaagigget caggaagica gigagaccag giacaigggg ggetcaggca 2040
        gtgggtgaga tgaggtacac ggggggctca ggcagtgggt gaggccaggt acatgggggg 2100
        ctcaggcact gggtgagatg aggtacacgg ggggctcagg cagagggtca gaccaggtac 2160
        acgggggctc tgatcacacg cacatatgag cacatgtgca catgtgctgt ttcatggtag 2220
30
        ccaggtctgt gcacacctgc cccaaagtcc caggaagctg agaggccaaa gatggaggct 2280
        gacagggetg gegeggtgge teacacetgt agteceagea etttgggagg eegaggegag 2340
        aggatecett gageecagga gtttaagace ageetgagea acatagtaga acceeatete 2400
        tatgaaaaat aaaaacaaaa attagctgaa catggtggtg tgcgcctgta gttccaatac 2460
        ttgggagget gaagtgggag gateaettga geceaggagg tggaagetge agtgagetga 2520
35
        gattgcacca ctgtactgca gcctgggtga cagagtgaga gcccatctca acaacaacaa 2580
        agaagactga caaatgcagt ttcttggaaa gaaacattta gtaggaactt aacctacaca 2640
        ccccagacce agggtttatg caccacaggg gcgggtggct cagaagggat gcgcaggacg 2760 ttgatatacg atgacatcaa ggttgtctga cgaagggcag gattcatgat aagtacctgc 2820
40
        tggtacacaa ggaacaatgg ataaactgga aaccttagag gccttcccgg aacaggggct 2880
        aatcagaagc cagcatgggg ggctggcatc caggatggag ctgcttcagc ctccacatgc 2940
        gtgttcatac agatggtgca cagaaacgca gtgtacctgt gcacacacag acacgcagct 3000
        actegeacae acaageacae acaeagaeat geatgeatge ateegtgtgt gtgeacetgt 3060
        geccatgagg aaacccatge atgtgcatte atgcacgcac acaggcaccg gtgggcccat 3120
45
        geocacacce acgageaccg totgattagg aggeotttcc totgacgotg tocgccatce 3180
        tctcag
         <210> 18
         <211> 781
50
         <212> DNA
         <213> Homo sapiens
         gtatgtgcag gtgcctggcc tcagtggcag cagtgcctgc ctgctggtgt tagtgtgtca 60
55
         ggagactgag tgaatctggg cttaggaagt tcttacccct tttcgcatca ggaagtggtt 120
         taacccaacc actgtcaggc tcgtctgcc gccctctcgt ggggtgagca gagcacctga 180
         tggaagggac aggagctgtc tgggagctgc catecttecc accttgetet geetggggaa 240
         gegetggggg geetggtete teetgtttge eecatggtgg gatttggggg geetggeete 300
         tectgtttge cetgtggtgg gattgggetg tetecegtee atggeaetta gggeeettgt 360
60
         gcaaacccag gccaagggct taggaggagg ccaggcccag gctaccccac ccctctcagg 420
         agcagaggcc gcgtatcacc acgacagagc cccgcgccgt cctctgcttc ccagtcaccg 480
         tcctctgccc ctggacactt tgtccagcat cagggaggtt tctgatccgt ctgaaattca 540
```

agcoatgtcg aacctgeggt cetgagetta acagetteta etttetgtte tttetgtgtt 600

```
giggaaatti Cacciggaga agccgaagaa aacatticig icgigactcc igcggigcii 660
        gggtcgggac agccagagat ggagccaccc cgcagaccgt cgggtgtggg cagctttccg 720
        gtgtctcctg ggaggggagc tgggctgggc ctgtgactcc tcagcctctg ttttccccca 780
5
        <210> 19
        <211> 536
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
10
        <400> 19
        gcaagtgtgg gtggaggcca gtgcgggccc cacctgccca ggggtcatcc ttgaacgccc 60
        tgtgtggggc gagcagcete agatgetget gaagtgeaga egeceeeggg eetgaeeetg 120
        ggggcctgga gccacgctgg cagccctatg tgattaaacg ctggtgtccc caggccacgg 180
15
        agcotggcag ggtccccaac ttottgaacc cotgettocc atotcagggg cgatggctcc 240
        ccacgettgg gageettetg acceetgace tgtgteetet cacageetet teeetggetg 300
        ctgccctgag ctcctggggt cctgagcaag ttctctccc gccccgccgc tccagcgtca 360
        ctgggctgcc tgtctgctcg ccccggtgga ggggtgtctg tcccttcact gaggttccca 420
        ccagccaggg ccacgaggtg caggccctgc ctgcccggcc acccacacgt cctaggaggg 480
20
        ttggaggatg ccacctctgg cctcttctgg aacggagtct gattttggcc ccgcag
        <210> 20
        <211> 3179
        <212> DNA
25
        <213> Homo sapiens
        atctcatgtt tgaatcctaa tgtgcactgc atagacacca ctgtatgcaa ttacagaagc 60
        ctgtgagtga acggggtggt ggtcagtgcg ggcccatggc ctggctgtgc atttacggaa 120
30
        gtctatgagt gaatggggtt gtggtcagtg cgggcccatg gcctggctgg gcctgggagg 180
        tttctgatgc tgtgaggcag gaggggaagg agggtagggg atagacagtg gyagccccca 240
        ccctggaaga cataacagta agtccaggcc cgaagggcag cagggatgct gggggcccag 300
        cttgggegge ggggatgatg gagggeetgg ecagggtgge agggatgatg ggggeeccag 360
        ctggggtggc aggggtgatg gggggggctg gtctgggtgg cggggaagat ggggaagcct 420
35
        ggctgggccc cctcctccc tgcctccac ctgcagccgt ggatccggat gtgcttccct 480
        ggtgcacatc ctctgggcca tcagctttca tggaggtggg gggcaggggc atgacaccat 540
        cctqtataaa atccaqqatt cctcctcctq aacqccccaa ctcaqqttqa aagtcacatt 600
        cogcetetgg coattetett aagagtagae caggattetg atetetgaag ggtgggtagg 660
        gtggggcagt ggagggtgtg gacacaggag gcttcagggt ggggctggtg atgctctctc 720
40
        atcetettat cateteeag tereatetet catetetta teateteea gteteatetg 780
        tetteetett ateteecagt eteatetgte atectettae cateteecag teteatetet 840
        tatectetta tetectagte teatecagae tracetecca gggegggtge caggetegea 900
        gtggagetgg acatacgtcc ttcctcaggc agaaggaact ggaaggattg cagagaacag 960
        gaggggggc tcagagggac gcagtcttgg ggtgaagaaa cagcccttc tcagaagttg 1020
45
        gettgggeca caegaaaceg agggeeetge gtgagtgget ceagageett ecageaggte 1080
        cctggtgggg ccttatggta tggccgggtc ctactgagtg caccttggac agggcttctg 1140
        gtttgagtgc agcccggacg tgcctggtgt cggggtgggg gcttatggcc actggatatg 1200
        gcgtcattta ttgctgctgc ttcagagaat gtctgagtga ccgagcctaa tgtgtatggt 1260
        gggcccaagt ccacagactg tgtcgtaaat gcactctggt gcctggagcc cccgtatagg 1320
50
        agetgtgagg aaggaggge tettggeage eggeetgggg gegeetttge eetgeaaact 1380
        ggaagggage ggccceggge gccgtgggeg gacgacetea agtgagaggt tggacagaac 1440
         agggcgggga cttcccagga gcagaggccg ctgctcaggc acacctgggt ttgaatcaca 1500
        gaccaacagg tcaggccatt gttcagctat ccatcttcta caaagctcca gattcctgtt 1560
         tctccgggtg ttttttgttg aaattttact caggattact tatatttttt gctaaagtat 1620
55
         tagaccetta aaaaaggtat ttgetttgat atggettaac teactaagea cetaetttat 1680
         ttgtctgttt ttatttatta ttattattat tattagagat ggtgtctact ctgtcaccca 1740
         ggttgttagt gcagtggcac agtcatggct cgctgtagcc gcaaaccccc aggctcaagt 1800
         gatectcegg cetcagette ceagagtget gggattaeag gtgtgageea etgeeettge 1860
         ctggcacttt taaaaaccac tatgtaaggt caggtccagt ggcttccaca cctgtcatcc 1920
60
         cagtagtttg ggaagccgag gcagaaggat tgtctgaggc caggagtttg agaccagcat 1980
         gggtaacata gggagacccc atctctacaa aaaatgcaaa aagttatccg ggcgtggggt 2040
         ccagcatetg tagteccage tgetegggag getgagtggg aggategett gageceggga 2100
         ggtcatggct gcagtgagct gtgattgtac catcgcactc cagcctgggc aacagagtga 2160
         65
```

		-					
	taggtagact	gtcaaatctc	agagcaaaat	gaaaataaca	aagttttaaa	gggaaagaaa	2340
	aaccccagct	ctttggactt	ccttaggcct	gaacttcatc	tcaagcagct	tccttccaca	2400
	gacaagcgtg	tatggagcga	gtgagttcaa	agcagaaagg	gaggagaagc	aggcaagggt	2460
_	ggaggctgtg	ggtgacacca	gccaggaccc	ctgaaaggga	gtggttgttt	tcctgcctca	2520
5	gccccacgct	cctgccggtc	ctgcacctgc	tgtaaccgtc	gatgttggtg	ccaggtgccc	2580
	acctgggaag	gatgctgtgc	agggggcttg	ccaaactttg	gtgggtttca	gaagccccag	2640
	gcacttgtgg	caggcacaat	tacagcccct	ccccaaagat	gcccacgtcc	ttctcctgga	2700
	acctgtgaat	gtgtcacccg	caaggcagag	gctggtgaag	gctgcaggtg	gaatcacggc	2760
	tgccagtcag	ccgatcttaa	ggtcatcctg	gattatctgg	tgggcctgat	atggccacaa	2820
10	gggtccctag	aagtgagaga	gggaggcagg	ggagagtcag	agaggggacg	tgagaaggac	2880
	cactggccac	tgctggcttt	gagatggagg	agggggtccc	cagccaagga	atgggggcag	2940
	ccgctccatg	ctggaaaagc	aagcaatcct	ccccggtcct	gagggcacac	ggccctgccc	3000
	acgcctcgat	ttcaggccag	tgggacctgt	ttcagctttc	cggcctccag	agctgtaaga	3060
		gtgttcagcc					
15		aaatgaatac					3179